

BETRACHTUNGSWEISEN
IN DER GENETIK
DER QUANTITATIVEN MERKMALE
VOR EINFÜHRUNG
DER POPULATIONSGENETIK

Rainer Glas

Disbui. München

1987

Aus dem Institut für Tierzucht und Tierhygiene
Lehrstuhl für Haustiergenetik
Vorstand: Professor Dr.Dr. F. Bakels

Betrachtungsweisen in der Genetik
der quantitativen Merkmale vor Einführung der Populationsgenetik

Inaugural - Dissertation
zur Erlangung der tiermedizinischen Doktorwürde
der Tierärztlichen Fakultät an der Ludwig-Maximilians-Universität
München

von
Rainer Glas
aus
Bamberg

München 1986

Gedruckt mit Genehmigung der Tierärztlichen Fakultät
der Universität München

Dekan: Prof. Dr. H. Zucker
Referent: Prof. Dr. Dr. F. Bakels
Korreferent: Prof. Dr. J. Unshelm

Tag der Promotion: 27. Februar 1987

Meinen Eltern

Inhaltsverzeichnis

	Seite
1. Einleitung	1
2. Literatur	11
3. Ergebnisse und Diskussion	132
3.1 Allgemeine Betrachtungen und Ergebnisse	132
3.2 Ergebnisse und Besprechung einzelner Merkmalsgruppen	138
3.3 Diskussion	157
4. Zusammenfassung	
5. Literaturverzeichnis	161

1. Einleitung

Die vorliegende Arbeit beschäftigt sich mit der Vererbungsforschung bei quantitativen Merkmalen bei den wirtschaftlich bedeutenden Haustieren in der Zeit von der Wiederentdeckung der Mendelschen Regeln bis zur Einführung der Populationsgenetik.

Die Populationsgenetik liefert heute die theoretischen Grundlagen für das Züchten mit quantitativen Merkmalen. Dabei werden die genetische Zusammensetzung von Populationen, das genetische Gleichgewicht sowie Änderungen der Genfrequenzen untersucht und mit mathematischen Begriffen beschrieben. Über mathematisch-statistische Gesetzmäßigkeiten wird auf die Vererbung dieser Merkmale geschlossen. Die Populationsgenetik hatte vor allem in den angelsächsischen Ländern (Großbritannien, USA) früh ihre Befürworter. Etwa nach dem 2. Weltkrieg wurde das Gedankengut und Wissen der Populationsgenetik verstärkt in Deutschland aufgegriffen und hat seitdem hier weiteste Verbreitung gefunden.

Auf der anderen Seite versuchten Vererbungsforscher die Vererbung quantitativer Merkmale auf Grund der Mendelschen Genetik zu lösen. Die Anwendung der Mendelschen Regeln brachte bei der Aufklärung der Vererbung qualitativer Merkmale große Erfolge. Bei den quantitativen Merkmalen traf man jedoch auf Schwierigkeiten. Und gerade die quantitativen Merkmale waren für die Tier- und Pflanzenzüchter auf Grund ihrer wirtschaftlichen Bedeutung die entscheidenden.

So entwickelten sich seit etwa 1900 nebeneinander zwei verschiedene Arbeitsweisen, die Vererbung quantitativer Merkmale zu erforschen:

1. Eine variationsstatistische Arbeitsweise und die sich später daraus entwickelnde Populationsgenetik.
2. Die Mendelsche Genetik.

"Die Haustiergenetik befaßt sich als Wissenschaft einerseits mit den Ursachen, die die Merkmalsunterschiede

zwischen den Tieren einer Rasse bewirken, andererseits mit Paarungssystemen und Zuchtmethoden in ihrer Auswirkung auf den genetischen Aufbau einer Population." (Johansson, J. u.a., 1966). Die Tierzüchtung übernimmt die haustiergenetischen Forschungsergebnisse und wendet sie praktisch an.

Aber bereits in Zeiten, in denen es noch keine wissenschaftlich fundierte Haustiergenetik gab, wurde bereits erfolgreich Tierzucht betrieben. Dabei wurden, im bezug auf ein bestimmtes Merkmal, die besten Tiere ausgesucht und mit diesen weitergezüchtet. Es erfolgte dann Inzucht über mehrere Generationen, um den Typ zu konsolidieren und dabei wurden alle nicht erwünschten Tiere ausgemerzt. Auf diese Art und Weise erfolgte die Rassebildung in der Haustierzucht. Die einzelnen Züchter in früheren Zeiten hatten jedoch meist nur ein zahlenmäßig beschränktes Tiermaterial zur Verfügung. Dies war durch die geringe Zahl von Nachkommen bei den Nutztierassen, durch das große Generationsintervall und durch die geringe Gesamtzahl der Tiere im Besitz eines Züchters bedingt. Die Erbanlagen der Nachkommen stellen ja nur eine Stichprobe der elterlichen Erbanlagen dar, so daß ein oder nur wenige Nachkommen, wie der Züchter sie zu Gesicht bekommt, nur ein sehr ungenaues und nicht selten irreführendes Bild vom Zuchtwert eines Tieres ergab.

Das Dilemma der geringen Nachkommenzahlen eines Elters konnte nur durch Koordination innerhalb mehrerer Züchter gelöst werden. Dies führte etwa ab 1800 zur Einführung von Stammbüchern für die neuen Rassen. Darin wurden von den einzelnen Tieren die Abstammung, Körpermaße und auch Leistungen aufgezeichnet. Nur genau definierte Standardtypen wurden in die Stammbücher aufgenommen. Dabei wurde oft das Äußere der Tiere überbetont und die eigentliche Nutzleistung teilweise vernachlässigt. Erst durch die Schaffung größerer Zuchteinheiten (Zuchtverbände, Besamungsgenossenschaften usw.) und die damit verbundene schriftliche Fixierung von Leistungsdaten vieler Tiere über einen langen Zeitraum und innerhalb eines Gebietes wurden die Grundlagen für die Entwicklung zur modernen Haustiergenetik und zur wissenschaftlichen Haustierzucht geschaffen. An dem dabei gesammelten Zahlenmaterial konnten nun die Ergebnisse aus der allgemeinen

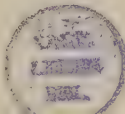
Genetik angewandt und somit die Vererbung von wichtigen quantitativen Leistungsmerkmalen der Nutztiere erforscht werden.

Die Entwicklung der allgemeinen Genetik begann wohl im Jahre 1865. In diesem Jahr veröffentlichte Johann Gregor Mendel (1822-1884) die Ergebnisse seiner Arbeit vor dem Naturforscherverein in Brunn. (Mendel, J.G., 1865). Seit 1856 führte Mendel Kreuzungsversuche mit Erbsen durch. Er beobachtete vor allem die Vererbung deutlich ausgeprägter, alternativer Merkmale. Seine Hauptergebnisse waren folgende:

1. Die Erbeinheiten liegen bei den Individuen paarweise vor, aber die Geschlechtszellen enthalten nur eine Erbanlage von jedem Paar (Spaltungsgesetz).
2. Die Erbeinheiten werden frei, d.h. zufallsgemäß kombiniert, sowohl bei der Bildung der Geschlechtszellen, als auch bei der Befruchtung (Gesetz von der freien Kombination).

Die Tragweite dieser Ergebnisse, heute auch Mendelsche Regeln genannt, wurde von den Zeitgenossen nicht erkannt. So verschwanden die Mendelschen Regeln bis zu ihrer Wiederentdeckung im Jahre 1900. Von 1866-1900 wurden nach und nach die materiellen Grundlagen von Mendels Vererbungsgesetzen gefunden, z.B. die Tatsache, daß die männlichen und weiblichen Geschlechtszellen die gleiche Menge an Erbsubstanz zur Zygote beitragen, die Chromosomen als Träger der Erbsubstanz, die Chromosomenteilung, die Reduktionsteilung und anderes mehr.

Ein weiterer verdienstvoller Mitbegründer der modernen Vererbungslehre war Francis Galton (1822-1911). Er betrachtete weniger die Vererbung bei Einzelindividuen, sondern er beschäftigte sich mehr mit der Änderung von Populationen von Generation zu Generation. Galton berechnete als erster die Regression der Nachkommen auf die Eltern und auch innerhalb von Geschwistergruppen. Dabei arbeitete er u.a. mit der Körpergröße des Menschen, also einem typisch quantitativen Merkmal. Er berechnete für jede Größenklasse der Eltern, wie sich der Durchschnitt der Nachkommen zum Durchschnitt der Eltern verhielt, d.h. die Regression der Nachkommen auf die Eltern. Dabei fand er folgendes Ergebnis:



Die Abweichung der Nachkommen vom Populationsdurchschnitt beträgt etwa $\frac{2}{3}$ der Abweichung der Eltern vom Populationsdurchschnitt, oder anders ausgedrückt: Um jeden Zentimeter, den die mittlere Größe der Eltern steigt, steigt die mittlere Größe der Nachkommen um 0,66 Zentimeter.

1897 veröffentlichte Galton das "Gesetz vom Ahnenerbe."

Er formulierte es wie folgt: Beide Eltern tragen zusammen die Hälfte der Erbmasse des Kindes ($0,5$), die vier Ahnen der vorherigen Generation $\frac{1}{4}$ der Erbmasse des Kindes ($0,5^2 = 0,25$), die Ahnen der weiteren Generation davor $\frac{1}{8}$ der Erbmasse des Kindes ($0,5^3 = 0,125$) usw. Die Summe sämtlicher Beiträge der Ahnen beträgt daher $0,5 + 0,5^2 + 0,5^3 + 0,5^4 + \dots + 0,5^n = 1,0$. Obwohl die Berechnung der Regression teilweise fehlerhaft war und auch das Gesetz vom Ahnenerbe aus heutiger Sicht falsch ist, (da ja die Erbanlagen nur durch die Eltern auf das Kind übertragen werden), wird Galton zu Recht als Mitbegründer der Biometrie auf Grund der Tatsache angesehen, daß er der erste gewesen ist, der ein umfangreiches Material hinsichtlich der Variation mehrerer quantitativer Eigenschaften sammelte, statistisch analysierte und selbst Methoden für die Berechnung von Regressions- und Korrelationskoeffizienten entwickelte. An der Universität London gründete er ein Forschungsinstitut für Eugenik, das später nach ihm benannte Galton Labor.

Im Jahre 1900 wurden die Mendelschen Vererbungsgesetze unabhängig voneinander von drei Botanikern wiederentdeckt.

Der Holländer Hugo de Vries (1848 - 1935) erweiterte Mendels Arbeit noch in mancherlei Hinsicht. Er führte seine Kreuzungsexperimente bei den verschiedensten Pflanzenarten durch und führte erstmals den Begriff der Mutabilität als Quelle der biologischen Variation ein. Ein wesentlicher Teil seiner Vererbungstheorie waren die sogenannten intrazellulären Pangene = selbstreproduzierende kleine Einheiten, die aus dem Zellkern ins Zytoplasma wandern und dessen Funktion steuern.

Auch der Deutsche Carl Correns (1864 - 1933) war nicht nur Wiederentdecker der Mendelschen Regeln, sondern auch er brachte in diesem Zusammenhang neue Erkenntnisse. Er identifizierte als erster die Mendelsche Spaltung mit der Reduktionsteilung der Meiosis. Von den Wiederentdeckern war er der einzige, der die zufällige Kombination der Erbanlage als einen integrierenden Teil des Mendelschen Gesetzes beobachtete und erläuterte. Im Gegensatz zu de Vries, der die vollständige Dominanz der einen alternativen Eigenschaft über die andere (rezessive) als Regel ohne Ausnahme angab, betonte Correns, daß die Bastarde hinsichtlich einiger Eigenschaftspaare alle Übergänge zwischen den beiden Elterntypen zeigen können.

Der Österreicher Erich Tschermak (1871 - 1962) lieferte "hinsichtlich der Mendelschen Resultate für ein Eigenschaftspaar eher eine Bekräftigung als eine Wiederentdeckung der Mendelschen Gesetze, denn er entwickelte keine Theorie hinsichtlich der Spaltung oder Umkombination der Erbanlagen." (Dunn, L.C. 1951).

William Bateson (1861 - 1926) nahm die Mendelsche Vererbung nach ihrer Wiederentdeckung begeistert auf und wurde ein Vorkämpfer des Mendelismus zu Beginn des Jahrhunderts. Er führte den Nachweis der Gültigkeit der Mendelschen Gesetze bei vielen qualitativen Merkmalen bei Tieren (u.a. Kammform und -farbe bei Hühnern, Behornung bei Rindern). Abweichungen von den charakteristischen mendelschen Zahlenverhältnissen in der F_2 -Generation erklärte er durch Erbfaktoren, die in der Lage sind, andere Faktoren zu unterdrücken (Epistasie bzw. Hypostasie).

"Viele der heute gebräuchlichen Ausdrücke wurden von Bateson eingeführt -z.B.: Genetik, Zygote, homozygot, heterozygot, Filialgeneration und Allelomorphe (später, vor allem in den USA zu Allel abgekürzt)." (Sturtevant, A.H. 1965).

Bei Experimenten mit Wicken fand er (zusammen mit Saunders und Punnett), daß einige Erbfaktoren gekoppelt sind und nicht nach Mendel frei kombinieren. Die von Bateson aufgestellte "Presence-absence-Hypothese", d.h. nur der dominante Erbfaktor eines Faktorenpaares existiert, während der andere abwesend ist, wurde später widerlegt.

Als eifriger Verfechter des Mendelismus führte Bateson einen jahrelangen Streit mit Karl Pearson (1857 - 1936), dem Vorkämpfer der "Biometrischen Schule." Pearson war Mathematiker und Statistiker und ab 1911 Leiter des Galton-Labors als Nachfolger von Galton. Er war der Meinung, daß die Vererbung solcher alternativen Eigenschaften wie sie Mendel und seine späteren Nachfolger im ersten Jahrzehnt des 20. Jahrhunderts untersuchten, die Ausnahme von der Regel bildete; die quantitativen Eigenschaften zeigten eine kontinuierliche Variation mit "blending-inheritance", und diese Eigenschaften mußten durch statistische Methoden untersucht werden. Seine Hauptarbeiten auf dem Gebiet der Genetik waren die Erstellung einer Methode zur Berechnung der Korrelation zwischen zwei Variablen, die Berechnung des mittleren Fehlers des Korrelationskoeffizienten und Einführung der Chi-Quadrat-Methode für statistische Vergleiche zwischen Häufigkeitsverteilungen. Zum erbitterten Streit mit Bateson führte sicher die Tatsache, daß Pearson die Mendelsche Spaltung bei der Gametogenese bzw. die freie Kombination der Erbfaktoren bei der Befruchtung nicht anerkannte, während andererseits Bateson den Einsatz von mathematisch-statistischen Methoden in der Vererbungslehre vollkommen ablehnte.

Ab dieser Zeit entwickelten sich dann zwei unterschiedliche Arbeitsweisen, um die Vererbung quantitativer Merkmale zu klären. Einerseits mathematisch-statistische Methoden, auf der anderen Seite die Mendelsche Genetik. In der Folgezeit wurden dann die Mendelschen Regeln von den Biometrikern anerkannt, und auch die Anhänger der Mendelschen Genetik machten sich die mathematischen-statistischen Methoden zunutze, vor allem bei der Verarbeitung des Untersuchungsmaterials. Die unterschiedliche Denkweise, um das Problem der Vererbung quantitativer Merkmale zu lösen, blieb jedoch noch lange Zeit erhalten. Während sich die Biometrie in Amerika und England zur Klärung genetischer Fragen rasch durchsetzen konnte, versuchten viele Forscher in Europa, die Vererbung quantitativer Merkmale mittels der Mendelschen Genetik zu lösen.

Wilhelm Johannsen (1827-1927) war einer der ersten, der die Biomathematik im größeren Stile bei seinen Arbeiten anwendete. Er benutzte sie allerdings nur dazu, das große anfallende Material der quantitativen Merkmale zu verarbeiten, nicht dazu, um auf Vererbungsgesetze zu schließen. Johannsen schreibt: "Wir müssen die Erblchkeitslehre zwar mit Mathematik, nicht aber als Mathematik treiben." (Johannsen, W. 1909). Zu seinen bedeutendsten Arbeiten gehören seine Versuche mit "reinen Linien" bei Prinzeß-Bohnen. Darunter versteht man Nachkommen eines einzigen homozygoten Individuums, das durch Selbstbefruchtung vermehrt wird.

Die Linien zeigen untereinander eine wesentliche erbliche Variation, aber innerhalb der einzelnen Linien gibt es keine genetische, sondern nur eine umweltbedingte Variation. Als erster unterschied er somit deutlich zwischen einer genetisch bedingten und einer umweltbedingten Variation, und er führte auch die Begriffe Genotyp und Phänotyp ein.

Ein begeisterter Anhänger des Mendelismus in Amerika war Castle, W.E. (1867-1962). Er untersuchte zunächst die Vererbung qualitativer Merkmale an Nagern (z.B. Albinismus, Angorafell). Später beschäftigte er sich auch mit quantitativer Merkmalsvererbung und untersuchte die Vererbung des Körpergewichtes und der Ohrlänge beim Kaninchen (1909). Bedingt durch die Tatsache, daß Castle mit einem relativ kleinen Zahlenmaterial arbeitete, fand er in der F_2 -Generation keine Aufspaltung, sondern mehr oder weniger intermediäre Typen über mehrere Generationen. So entwickelte er die Theorie der konstant-intermediären Vererbung ("blending inheritance") bei manchen quantitativen Merkmalen, die im Widerspruch zur Mendelschen Genetik stand. Diese Theorie wird jedoch kurze Zeit später widerlegt, und das scheinbar intermediäre Auftreten von Kreuzungstieren wird durch die Wirkung multipler Faktoren auf die Ausbildung eines Merkmals erklärt. Diese neue Erklärung wurde schließlich auch von Castle anerkannt.

Eine weitere Methode, um die Vererbung von quantitativen Merkmalen zu studieren, ist die Wirkung der Selektion. Castle führte ausgedehnte und zur damaligen Zeit viel diskutierte Selektionsexperimente mit Ratten durch. 1919 kam er zum Ergebnis, daß die Hauptwirkungen der Selektion in einer Auswahl und Ansammlung von modifizierenden Genen besteht. Die Wirkung der Selektion wurde in der Folgezeit dann vor allem mit statistischen Methoden untersucht, und die Ergebnisse nahmen großen Einfluß auf die Tier- und Pflanzenzüchtung und auch auf die Evolutionslehre.

Der Botaniker Hermann Nilsson-Ehle (1873-1949) beschäftigte sich bei seinen Arbeiten mit Weizen und Hafer ab 1900 mit der Anwendung der Mendelschen Regeln auf sein Material. In der F_2 -Generation fand er bei manchen Merkmalen typische Mendelsche Spaltungsverhältnisse, bei anderen Merkmalen jedoch eine kontinuierliche Variation. Bei der Kreuzung von rot- und weißkörnigen Weizensorten fand Nilsson-Ehle eine Steigerung der Streubreite der Kornfarbe innerhalb der F_2 -Generation im Vergleich zur F_1 -Generation, wobei auch einige Körner der Ausgangsfarben auftraten. In der F_3 -Generation erhielt er typische Aufspaltungsverhältnisse (3:1, 15:1, 63:1).

Ehle erklärte die Ergebnisse durch die Beteiligung mehrerer Erbfaktoren an der Ausbildung eines Merkmales. Auf Grund der typischen Zahlenverhältnisse der Aufspaltung in F_3 schloß er auf die Anzahl der beteiligten Faktoren. "Die gleiche Idee, daß die Variation quantitativer Eigenschaften auf mehreren zusammenwirkenden Genen beruhte, war nicht neu; schon Mendel hatte dies 1866 betont, was Ehle auch in seiner Abhandlung angibt (1909), aber Ehle war der erste, der einen überzeugenden Beweis hierfür geliefert hat." (Johansson, J. 1980).

Neben der Kornfarbe arbeitete er auch mit der Korngröße, der Pflanzenhöhe, der Ährenlänge, der Winterfestigkeit des Weizens, der Resistenz gegen Gelbrost und anderen quantitativen Merkmalen. Als praktische Anwendung seiner Theorie der Polymerie führte Ehle die Kombinationsveredelung in die Pflanzenzucht ein. Hierbei erhält man bei der Kreuzung zweier Arten mit mittlerer Merkmalsausbildung bei polymeren Eigenschaften in der F_2 -Generation neben einer Vielzahl von Individuen mit

ebenfalls mittlerer Ausbildung des Merkmals auch solche mit einer höheren und solche mit einer niederen Merkmalsausbildung (positive und negative Transgression). Nur die Individuen mit positiver Transgression werden zur Weiterzucht verwendet. Der von Ehle eingeführte Begriff "gleichsinnige Einheiten" wurde später von Lang in "polymere Faktoren" umbenannt. Auch stellte Ehle bereits fest, daß die Wirkung von polymeren Faktoren nicht immer gleich groß ist.

Edward M. East (1879-1938) arbeitete in erster Linie mit verschiedenen Maissorten. Bei der Vererbung der Merkmale Farbe des Endosperms und Kornreihen pro Kolben fand er in Bestätigung zu Nilsson-Ehle eine Aufspaltung der Merkmale in der F_2 -Generation, die größer als die der F_1 -Generation war und somit andeutete, daß mehrere Genpaare die Variation bestimmten. Ab 1911 arbeitete East zusammen mit Hayes an der Vererbung von Farbeigenschaften beim Mais Korn. Die von ihnen gefundenen unterschiedlichen Proportionen der Farbtypen und Abweichungen vom typischen Mendelschen Zahlenverhältnis erklärten sie durch Epistasie und Hemmungsfaktoren. Hinsichtlich anderer typischer quantitativer Eigenschaften, wie Pflanzenhöhe, Kolbenlänge, Korngröße u.a., analysierten sie die Variation in der Eltern-generation und in den Kreuzungsgenerationen. Dabei stellten sie fest, daß die Variation dieser Eigenschaften im höheren Maße als die bis dahin diskutierten Farbeigenschaften sowohl auf Erbgut als auch auf Umwelt beruhten. Beide Ursachen bewirken die kontinuierliche Variation. Sie vertraten die Ansicht, daß "hinsichtlich typischer quantitativer Eigenschaften, die durch wechselnde Umwelteinflüsse stark modifizierbar sind, man in der Regel nicht klären kann, wie viele Gene für die erblich bedingte Variation verantwortlich sind, auch nicht den Effekt einer Wechselwirkung der Gene." (Johansson, J. 1980).

Dieser kurze Abriß der Entwicklung des Wissens bei der Vererbung der quantitativen Merkmale im Mendelschen Sinne zeigt, welche Grundkenntnisse um 1910 zur Verfügung standen. Etwa ab dieser Zeit begann man nun auch bei den landwirtschaftlichen

Nutztieren die bis dahin gefundenen Forschungsergebnisse zu überprüfen, um sie dann in der Tierzucht anzuwenden. Die quantitativen Merkmale stehen bei den Nutztieren deshalb im Vordergrund, da ja fast alle wirtschaftlichen Nutzleistungen der Haustiere quantitativen Charakter aufweisen.

Im nun folgenden Literaturteil wird versucht, an Hand von Beispielen aufzuzeigen, welche Versuche in der Genetik der quantitativen Merkmale vor Einführung der Populationsgenetik durchgeführt wurden, welche unterschiedliche Fragestellungen die verschiedenen Arbeiten als Grundlage hatten und zu welchen Ergebnissen sie führten.

Daraus wird ersichtlich, welche Betrachtungs- und Denkweisen in der Genetik die quantitativen Merkmale entwickelt wurden und Bedeutung erlangten, in der Zeit zwischen der Wiederentdeckung der Mendelschen Regeln und der Einführung der Populationsgenetik. So läßt sich auch begreifen, welche Strömungen in das Entstehen der Populationsgenetik hineingewirkt haben. Die Zusammenhänge zwischen der Genetik im Mendelschen Sinne und der Populationsgenetik sind deshalb von Interesse, weil die Populationsgenetik keine Naturgesetze unmittelbar beschreibt, sondern die Auswirkungen solcher Naturgesetze auf Populationen. Die Populationsgenetik ist durchaus nicht die einzige Möglichkeit einer Annäherung an das komplexe Geschehen bei der Vererbung quantitativer Merkmale.

Die vorliegende Arbeit soll kein Sammelreferat sein. Deshalb wird auch nicht der Anspruch erhoben, daß die besprochene Literatur vollständig ist. Es geht vielmehr darum, an Hand geeigneter Arbeiten, die geistigen Strömungen jener Zeit in der Genetik aufzuzeigen.

2. Literatur

Als einige der ersten untersuchten SIMPSON, Q.J. und SIMPSON, J.P. (1909) die Vererbung der Kopfform beim Schwein. Sie fanden, daß der lange Kopf mit gestrecktem Profil und breiter Stirn dominiert.

CASTLE, W.E. (1909) untersuchte die Vererbung des Körpergewichtes, der Körpergröße und der Dimension von Skelettbestandteilen beim Kaninchen. Er fand dabei, daß sich diese Merkmale in der F_1 -Generation intermediär verhielten und daß die Nachkommen der F_1 -Bastarde in bezug auf diese Merkmale konstant waren. (Theorie der konstant-intermediären Vererbung, "Blending Inheritance"). Später ließ CASTLE diese Annahme fallen und versuchte auch, an seinem Material polymere Faktoren nachzuweisen.

MORGAN, F. (1911) beschäftigte sich mit den Erblichkeitsverhältnissen der Körpergröße bei der Kreuzung Tanzmaus X gewöhnlicher Läufer. Dabei lagen die F_1 -Tiere intermediär zwischen den Eltern, und in der F_2 -Generation traten neben intermediären Mäusen auch solche auf, die in der Körpergröße den Ausgangsrassen entsprachen. Die Körpergröße war somit ein, bis zu einem gewissen Grad, spalten-des Merkmal.

Bereits 1911 untersuchte WILSON, J. (1911) die Vererbung der Milchleistung beim Rind. Er verwendete Leistungsdaten des Roten Dänischen Milchviehs aus den dänischen Zuchtbüchern der Jahre 1907, 1908 und 1910.

Die verwendeten Milchleistungsabschnitte wurden korrigiert auf Fütterung, Haltung, Fehlgeburten, die Jahreszeit des Kalbens, die Länge der Laktationsperiode, dem Laktationsstadium und dem Alter. Die Tiere, die von den äußeren Einflüssen in ungewöhnlicher Weise betroffen waren, wurden ausgeschlossen.

Das gesamte Material wurde in drei Klassen eingeteilt (550-600 Gallonen, 750-950 Gallonen und 1000-1200 Gallonen).

Der Autor fand, daß die Milchleistung der Töchter im allgemeinen mit der ihrer Mütter übereinstimmte. Ausnahmen davon waren dadurch gekennzeichnet, daß der auftretende Unterschied zwischen Mütter und Töchter nicht abgestuft, sondern abrupt erfolgte, d.h. die Unterschiede waren immer sehr groß. Milchkühe der hohen Klasse hatten stets nur Töchter der hohen oder der mittleren Klasse, und Kühe der unteren Klasse hatten stets nur Töchter der unteren oder mittleren Klasse. Mutterkühe der Mittelklasse hatten Töchter in allen drei Leistungsklassen.

Die Ergebnisse deutete WILSON folgendermaßen: Die Milchleistung folgt den Regeln der Mendelschen Vererbung und zwar dem Erbgang, bei dem die mendelnde Eigenschaft im heterozygoten Zustand intermediär ist. Die extremen Klassen repräsentieren die Ausgangstypen einer P_1 -Generation. Die Mittelklasse enthält die intermediären Heterozygoten. Die F_1 -Generation spaltet auf in die extremen Ausgangstypen und intermediäre Heterozygoten.

Weitere Untersuchungen an vier englischen Shorthornherden bestätigen die Vermutung, daß es auch Bullen aller drei Klassen gibt.

PHILLIPPS, J.C. (1912) fand bei seinen Entenkreuzungen (Rouen X Mallard) die weiblichen F_1 -Tiere intermediär in bezug auf das Körpergewicht, die männlichen F_1 -Tiere mit Annäherung an den kleineren Elter. Die Variationszunahme in der F_2 -Generation im Vergleich mit der F_1 -Generation läßt auf Spaltung des Körpergewichtes schließen. Bei der Untersuchung der Vererbung verschiedener Körperdimensionen war aber die Variation in der F_2 -Generation nicht immer größer als in der F_1 -Generation. Oft fand der Autor keinen Unterschied, und teilweise war sogar die Variation in der F_1 -Generation größer.

GOLDSCHMIDT, R. (1912) kreuzte Entenrassen, um die Vererbung des Wachstums zu studieren. Dabei versuchte er, zwei Fragen zu beantworten:

1. "Ist die Wüchsigkeit eine mendelnde Eigenschaft?"
2. "Ist die Wüchsigkeit eine spaltende Eigenschaft?"

Er hielt die äußeren Einflüsse, wie Haltung, Ernährung und Zucht-saison, möglichst konstant.

Grundlegend war die Untersuchung des Wachstums der zum Versuch verwendeten Entenrassen.

Folgende Kreuzungen wurden durchgeführt:

1. Pekingente wbl. X Wildente mnl. Die reziproke Kreuzung war nicht möglich. Die F_2 -Generation wurde gezogen und mehrere Rückkreuzungen wurden durchgeführt.
2. Pekingente X Cayugaente, reziprok. Die Rückkreuzung F_1 X Pekingente.
3. Pekingente X Aylesburyente, reziprok.
4. Pekingente X Laufente, reziprok.

Um die Wüchsigkeit zu ermitteln, wurden die Küken nach dem Ausschlüpfen noch vor der ersten Nahrungsaufnahme gewogen. Dann wurden die Jungenten wöchentlich bis zum Alter von zehn Wochen gewogen.

Das Schlupfgewicht der schweren Rassen betrug im Mittel 44 g und ergab folgende Häufigkeitsverteilung.

Gewicht in g	36	39	42	45	48	51	54	57
Anzahl der Individuen	1	6	8	2	2	1	1	

Die asymmetrische Häufigkeitsverteilung hat ihren Grund darin, daß einige Tiere erst am zweiten Tag nach dem Ausschlüpfen gewogen wurden und durch fehlende Nahrung an Gewicht verloren hatten.

Das Gewicht im Alter von zehn Wochen ("Endgewicht") betrug im Mittel 2098 g und verteilte sich folgendermaßen:

Gewicht in g	1650	1800	1950	2100	2250	2400	2550	2700
Anzahl der Individuen	1	4	5	9	0	1	1	

GOLDSCHMIDT berechnete dann eine Wüchsigkeitsziffer in Form der Quotienten aus Endgewicht und Anfangsgewicht.

Die Wüchsigkeitsziffern ergaben bei den schweren Rassen einen Mittelwert von 47,5 und folgende Häufigkeitsverteilung.

Wüchsigkeitsziffer	30	35	40	45	50	55	60	65
Anzahl der Individuen	1	2	3	9	2	3	1	

Ebenso wurden die Wüchsigkeitsziffern bei den leichten Rassen und bei den Kreuzungstieren bestimmt.

Weiterhin fand GOLDSCHMIDT, daß die Wüchsigkeitsziffern von der Eigröße, dem Anfangsgewicht und der Zuchtsaison unabhängig sind. Da die Wüchsigkeitsziffern normal verteilt sind, betrachtete der Autor sie als geeignet zur Erforschung der genetischen Bedingtheit der Wüchsigkeit.

Um die Frage zu klären, ob die Wüchsigkeit eine mendelnde Eigenschaft ist, wurden folgende Kreuzungen durchgeführt:

Pekingente, wbl. X Wildente, mnl.

	mittlere Wüchsigkeitsziffer
Pekingente	47,5
F ₁ -Tiere	34,2
Wildente	33,8

Da die mittlere Wüchsigkeitsziffer der F₁-Tiere nur geringfügig über der der Wildente liegt, kam der Autor zu dem Ergebnis, daß die geringe Wüchsigkeit der Wildente sich dominant zu der hohen Wüchsigkeit der Pekingente verhält.

GOLDSCHMIDT berechnete weiterhin einen Eiausnutzungskoeffizienten den Quotienten aus Schlupfgewicht und Eigewicht, der in Korrelation zur Wüchsigkeitsziffer stehen soll.

Folgende Mittelwerte wurden gefunden:

	mittlerer Eiausnutzungskoeffizient
Pekingente	0,59
Pekingente, wbl. X Laufente, mnl.	0,51
Laufente, wbl. X Pekingente, mnl.	0,53
Laufente	0,48

Auf Grund dieser Mittelwerte wird für das Merkmal Eiausnutzungskoeffizient eine intermediäre Vererbung angenommen.

GOLDSCHMIDT kommt auf Grund seiner Kreuzungsversuche zu folgender Aussage: "Man kann also im großen und ganzen, allerdings zunächst nur mit Vorsicht, behaupten, daß die Wüchsigkeit im Bastard zwischen verschiedenen wüchsigen Rassen einigermaßen intermediär ist mit Neigung zum Dominieren der geringeren Wüchsigkeit."

Um die Frage, ob die Wüchsigkeit eine spaltende Eigenschaft ist, zu beantworten, wurden folgende drei Möglichkeiten in Betracht gezogen.

1. Bei der Aufspaltung der Wüchsigkeitsziffer innerhalb von Rassen wurde eine außerordentliche Unregelmäßigkeit beobachtet. Als Beispiel die Häufigkeitsverteilung des Schlupfgewichtes bei der Schwedenente.

Schlupfgewicht in g	27	30	33	36	39	42	45	48	51	54	57
Anzahl der Individuen	1	1	12	17	6	1	4	3	2	1	

2. Bei der Rückkreuzung zwischen Pekingente, wbl. und F_1 , mnl. (aus Pekingente, wbl. X Wildente, mnl.) wurde beobachtet, daß in der F_1 die niedrigen Wüchsigkeitsziffern der Wildente fehlten. Noch deutlicher war das Bild beim Kükengewicht.

Kükengewicht in g	24	27	30	33	36	39	42	45	48	51
Pekingente, wbl. X F_1 , mnl.							4	3	1	2
Anzahl der Individuen										
F_1 , wbl. X Wildente mnl.			1	3	3	3	2	2		
Anzahl der Individuen										

GOLDSCHMIDT: "Es zeigt sich dabei, wie zu erwarten, daß bei der Kreuzung zwischen der Bastardrasse und der starkwüchsigen Rasse das Übergewicht der Kurve auf der Plusseite liegt."

3. Aufspaltung in der F_2 -Generation.

Die einzige F_2 -Generation, von der Wiegunen vorlagen, wenn auch nicht in großer Zahl, stammte aus der Kreuzung Pekingente, wbl. X Wildente, mnl. Dabei gaben Typus und Verhalten der F_2 -Tiere einen besseren Eindruck von der Spaltung als das geringe Zahlenmaterial. "Während einige Individuen schwere und wenig bewegliche, typische Masttiere waren, waren andere so leicht und agil, daß sie in die gedeckten Kojen der Wildenten gebracht werden mußten, um sie am Fortfliegen zu hindern.

MC DOWELL, E.C. (1914) fand bei seinen Versuchen mit Kaninchen, daß bei Kreuzungen großer und kleiner Rassen die F_1 -Generation intermediär war und daß die F_2 -Generation eine größere Variation zeigte. Die Extreme der Elternrassen fehlten jedoch.

PARLOUR, W. (1913) berichtete über ein Rassenkreuzungsexperiment, wodurch der nordenglische Züchter Samuelson versuchte, seine Jersey-Herde umzuzüchten, mit der Absicht, die Milchleistung der Jerseys zu erhalten und eine für rauhes Klima geeignete, harte Konstitution damit zu verbinden. Ab 1906 wurden Aberdeen-Angus-Bullen angepaart. Die F_1 -Generation (zwölf Tiere) war gleichmäßig hart und bis auf ein Tier den Jerseys in der Milchleistung gleichwertig. Die F_2 -Generation (sieben Tiere) war in beiden Merkmalen sehr variabel. Genaue Angaben über die Milchleistung in der F_2 -Generation fehlten. Über dasselbe Experiment berichten auch STEVENS, H.D. (1913) und KUHLMANN, A.H. (1915).

PUNNETT, R.C. und BAILEY, P.G. (1914) beschäftigten sich mit der Vererbung des Körpergewichtes beim Haushuhn. Sie kreuzten zwei Rassen, die sich hinsichtlich des Körpergewichtes deutlich unterschieden: Hamburger und Silver Sebright Bantam. Das Eigewicht und das Schlupfgewicht wurden bestimmt, und die Tiere wurden dann wöchentlich bis zur 35. Lebenswoche gewogen. Die äußeren Einflüsse wurden für alle Tiere so gut wie möglich konstant gehalten.

1. Kreuzung Hamburger X Silver Sebright Bantam

Aus der Kreuzung Hamburger, mnl. X Sebright Bantam, wbl. wurden acht Hähne und sieben Hühner gezogen (Tab.1 Nr.1). Die Tiere eines Geschlechts waren nahezu uniform. Sie waren kleiner als die Hamburger, aber größer als die Sebright Bantams. Mit 13 dieser F_1 -Vögel wurde weitergezüchtet und 233 F_2 -Vögel (112 mnl. und 121 wbl.) gezogen (Tab.1 Nr.2). Das Gewicht der F_2 -Hähne lag zwischen 680 g und 1420 g, das der F_2 -Hennen zwischen 540 g und 1290 g. Die Variationsbreite war in beiden Geschlechtern in etwa gleich groß, das Gewicht des größten Vogels war jeweils doppelt so groß wie das des kleinsten, und der kleinste Vogel war jeweils kleiner als die Sebright Bantams und der größte größer als die Hamburger.

Um festzustellen, ob die größten und die kleinsten F_2 -Tiere ihr Körpergewicht weitervererben, wurden folgende Kreuzungen durchgeführt:

- I. Schwere F_2 -Henne (1290 g) X schwerer F_2 -Hahn (1390 g) (Tab.1 Nr.3). Die 13 F_3 -Hähne lagen zwischen 990 g und 1630 g (Durchschnittsgewicht 1360 g) und die 13 F_3 -Hennen zwischen 930 g und 1350 g (Durchschnittsgewicht 1150 g). Die Nachkommen der großen F_2 -Vögel mußten alle zu den "großen" Vögeln gerechnet werden.
- II. Leichte F_2 -Henne (540 g) X leichter F_2 -Hahn (680 g) (Tab.1 Nr.4). Es konnten nur drei F_3 -Hennen und zwei F_3 -Hähne gezogen werden, die aber alle weniger als 600 g Körpergewicht hatten.
- III. Leichte F_2 -Henne (710 g) X leichter F_2 -Hahn (740 g) (Tab.1 Nr.5). Das zweite Paar der leichten Vögel war schwerer als das erste. Aus der Kreuzung gingen sechs Hähne mit einem Gewicht zwischen 720 g und 860 g hervor (Durchschnittsgewicht 800 g) und sieben Hennen mit einem Gewicht, das kleiner oder höchstens so groß wie das ihrer Mutter war. Das Ergebnis, das die Autoren aus dieser Kreuzung zogen, war, "daß der Vater ein nahezu echter Sebright Bantam war und daß die Mutter heterozygot für einen Faktor war, der die Wirkung hatte, das Gewicht eines Bantam um 25 % anzuheben."

Die Ergebnisse der F_3 -Generation ließen die Autoren zu dem Schluß kommen, "daß die Vererbung des Körpergewichtes beim Huhn von bestimmten Faktoren abhängt und daß diese Faktoren in der Gametogenese aufspalten."

2. Kreuzung F_1 , mnl. X Gold Sebright Bantam wbl.

Ein F_1 -Hahn aus der Kreuzung Hamburger X Silver Sebright Bantam wurde mit zwei Gold Sebright Bantam-Hennen gekreuzt (Tab.1 Nr.6). Von denselben Hähnen dieser Kreuzung waren zwei bantamähnlich und unter 700 g, die anderen fünf lagen zwischen 800 - 1200 g. Von den elf Hennen waren sechs unter 700 g, drei waren etwa von der Größe der F_1 -Hennen, und die übrigen waren "intermediär." Aus dieser Filialgeneration der Kreuzung Gold Sebright Bantam X F_1 wurden ein Hahn (620 g) und eine Henne (620 g) gekreuzt und brachten sieben Hähne zwischen 680 g und 880 g und acht Hennen, alle unter 600 g (Tab.1 Nr.7). Diese Vögel waren

nahezu reinerbig für geringe Körpergröße. Zwei dieser Tiere wurden, um diese Linie weiter auszutesten, gekreuzt. Der Hahn hatte 690 g und die Henne 470 g. Es wurden neun Hähne zwischen 540 g und 750 g und drei Hennen, alle unter 600 g, gezogen (Tab.1 Nr.8).

Laut Autoren zeigen diese Kreuzungen, "daß bei den F_1 -Hähnen der Kreuzung Silver Sebright Bantam X Hamburger eine Anzahl von Genen, die geringes Körpergewicht bedingen, vorlag. Treffen solche Gene aufeinander, die das geringe Körpergewicht der reinen Sebright Bantams bedingen, so entstehen Vögel, die das geringe Bantamgewicht zeigen und weitervererben."

Aus der Filialgeneration der Kreuzung Gold Sebright Bantam, wbl. X F_1 (Silver Sebright Bantam X Hamburger) wurden ein Hahn (825 g) und zwei Hennen (620 g und 650 g) ausgewählt und gekreuzt (Tab.1 Nr.9). Einige Nachkommen waren so klein wie die kleinsten Sebright Bantams, andere waren so groß wie ihre Eltern, während ein Teil größer war als ihre Eltern.

Dieses Ergebnis zeigt -lt. Autoren-, daß Vögel, die selbst nicht die Bantamgröße haben, sowohl Nachkommen, die kleiner als sie selbst, aber auch solche, die größer als sie selbst sind, bringen können.

3. Kreuzung (Hamburger X Silver Sebright Bantam) X Brown Leghorn
Brown Leghorn-Hennen wurden mit F_1 -(Tab.1 Nr.10) und schweren F_2 -Hähnen (Tab.1 Nr.11) der Kreuzung Silver Sebright Bantam X Hamburger gekreuzt und eine F_1 -Henne der letztgenannten Kreuzung mit einem Brown Leghorn-Hahn (Tab.1 Nr.12) gekreuzt. Die Häufigkeitsverteilung der Körpergewichte dieser drei Kreuzungen wurde in Form einer Kurve dargestellt (Abb.1 C). Diese Kurve ist zweigipfelig. Der höhere Ausschlag stimmt dabei mit der höchsten Gewichtshäufigkeit der reinen Rasse Brown Leghorn überein, der niedrigere Ausschlag stimmt mit der höchsten Gewichtshäufigkeit der Kreuzung Brown Leghorn-Hahn X zwei kleine F_2 -Hennen überein.

4. Kreuzung (Hamburger X Silver Sebright Bantam) X (Silver Sebright Bantam X Brown Leghorn).

Ein F_1 -Hahn der Kreuzung Hamburg X Silver Sebright wurde mit zwei Hennen der Kreuzung Brown Leghorn X Silver Sebright gekreuzt (Tab. 1 Nr. 13).

29 Vögel wurden aus dieser Kreuzung gezogen, 16 Hähne mit einem Gewicht zwischen 940 g und 1710 g und 13 Hennen zwischen 765 g und 1190 g. Von diesen Tieren wiederum wurde das kleinste und das größte Paar gekreuzt (Tab.1 Nr. 14/15). Vom großen Paar wurden zwölf Hähne und sieben Hennen gezogen (Tab.1 Nr.14). Das Durchschnittsgewicht der Hähne unterschied sich nicht sehr von dem der Elterngeneration, aber die Hennen waren wesentlich schwerer. Vom kleinen Paar wurden zwölf Hähne und fünf Hennen gezogen (Tab.1 Nr. 15). Hier war die Mehrzahl der Tiere kleiner als die Elterngeneration. Bei den Hennen liegt die Variationsbreite vollständig außerhalb der Variationsbreite der Elterngeneration. Bei den Hähnen berühren sich die Variationsbreiten gerade noch. Das Resultat dieser Kreuzungen liegt in der großen Variationsbreite in der F_2 -Generation und in der Tatsache, daß die extremen Körpergrößen konstant weitervererbt werden. Im folgenden faßten die Autoren die wichtigsten Ergebnisse der Kreuzungen zusammen:

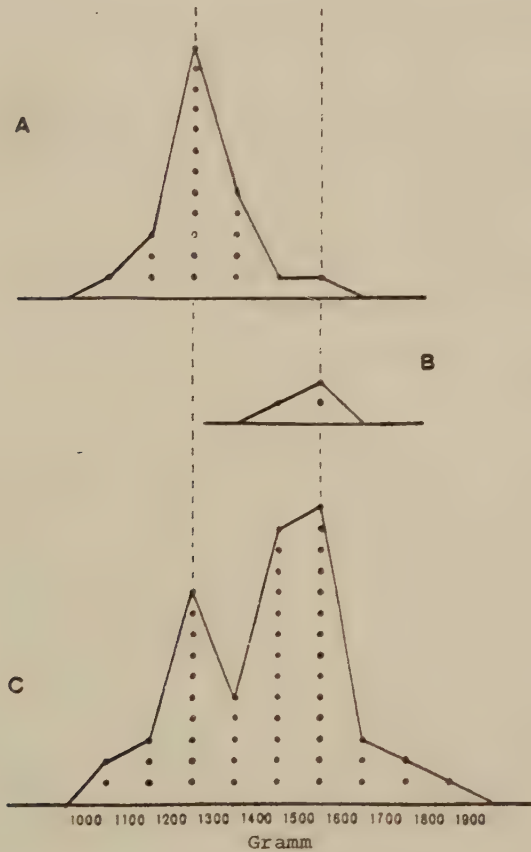
1. "In der F_2 -Generation der Kreuzung Sebright X Hamburger traten Vögel auf, die kleiner waren als die kleinsten Tiere der Rasse Sebright, und Vögel, die größer waren als die größten der Rasse Hamburger. Dies war in der F_3 -Generation, aus den größten und kleinsten F_2 -Vögeln noch deutlicher. Daraus schlossen die Autoren, "daß die Rasse Hamburger nicht alle Faktoren besitzt, die für hohes Körpergewicht verantwortlich sind, und daß den Sebrights nicht alle Faktoren fehlen.
2. Die F_1 -Tiere waren nicht so groß wie die Golden Hamburger. Sie müssen die beteiligten Faktoren in einfacher Form enthalten. Man muß also annehmen, daß die beteiligten Faktoren ein geringeres Ergebnis in bezug auf das Körpergewicht erzeugen, wenn das Tier heterozygot ist.
3. Vögel mit extremen Körpergewichten sind in der F_2 -Generation relativ selten. Die extremen Tiere der F_3 -Generation fehlten in der F_2 -Generation völlig. Dies lag an der zu geringen Individuenzahl in der F_2 -Generation. Geht man davon aus, daß die F_1 -Vögel in vier Faktoren heterozygot waren, so mußten die zwei extremsten Typen bei einer Gesamtzahl von 256 F_2 -Vögeln je einmal auftreten."

Table 1

Tabelle 1		Gewicht der mnl. Tiere in g		Gewicht der wbl. Tiere in g	
1)	Brown Leghorn	1	2	1	2
2)	Sebricht			1	1
3)	Hamburger				
4)	Hamburger, mnl. X Sebricht, wbl.				
5)	F ₁ wbl. X F ₁ mnl.				
6)	schwere F ₂ wbl. X schwere F ₂ mnl.	4	7 15 26 19 29 9 2	3	17 25 27 36 8 4 1
7)	leichte F ₂ wbl. X leichte F ₂ mnl.				
8)	leichte F ₂ wbl. X leichte F ₂ mnl.	1	2 4 2 1 1 1	1	3 5 2 2
9)	Golden Sebricht, wbl. X F ₁ mnl.	3	3	3	3
10)	(Golden Sebricht X F ₁) X (Golden Sebricht X F ₁)	2	1 2 1 1	2	2 2 3
11)	Hahn aus Kreuzung 7 X Henne aus Kreuzung 7	2	4 1	2	3
12)	Hahn aus Kreuzung 6 X Hennen aus Kreuzung 6	2	3 4	2	3
13)	Braunes Leghorn, wbl. X F ₁ mnl.	1	1 3 2 3 1 1	1	1 3
14)	Braunes Leghorn X schwere F ₂	2	7 2 8 11 1 2 1	2	6 1 1 3
15)	Brown Leghorn mnl. X (Brown Leghorn X schwere F ₂) wbl.	1	1 2 1 1	1	2 1
Summe der Kreuzungen 10, 11, 12		2	3 10 5 13 14 3 2 1	2	6 4 7 1
(Hamburger X Silver Sebricht) mnl.		1	2 2 3 4 3	1	3 6 1 2
X (Brown Leghorn X Silver Sebricht) wbl.		2	2 2 3 2 1 1 1	2	1 1 2 1 2
Kreuzung der größten Tiere aus Kreuzung 13		2	1 8 1	2	1 2
Kreuzung der kleinsten Tiere aus Kreuzung 13					

Abb. 1

Körpergewichte der Tiere der Kreuzung (Hamburg X Sebright) X
Braun Leghorn im Alter von 24 Wochen.



- A. Männliche Nachkommen der Kreuzung
kleine F_2 - Tiere wbl. X Braun Leghorn mnl.
- B. Reinrassige Braun Leghorn mnl.
- C. Männliche Nachkommen der Kreuzung
 F_1 X Braun Leghorn und der Kreuzung große F_2 - Tiere X
Braun Leghorn.

Ausgehend von diesen drei genannten Punkten, konstruierten die Autoren eine Theorie der Vererbung des Körpergewichtes. Dabei gingen sie von folgenden Annahmen aus:

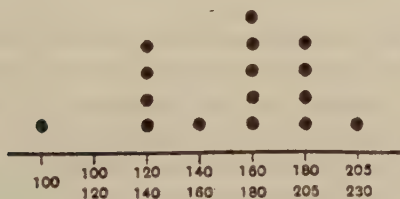
1. "Das Körpergewicht der Vögel wird von vier genetischen Faktoren bedingt.
2. Ist keiner dieser Faktoren vorhanden, so hat der Vogel die geringste Körpergröße.
3. Zwei dieser Faktoren A und B führen zu einem Anstieg der Minimalgröße um 66 %, wenn der Vogel homozygot für einen dieser Faktoren ist, jedoch um 30 %, wenn er heterozygot ist.
4. Die beiden übrigen Faktoren C und D führen zu einem Anstieg um 30 %, wenn der Vogel homozygot für einen dieser Faktoren ist, jedoch um 25 %, wenn er heterozygot ist.
5. Die Faktorenkombination bei den Hamburgern ist AA BB CC dd, bei den Silver Sebrights aa bb cc DD.

Setzt man als Minimalgewicht die Zahl 100 für Vögel mit der Faktorenkombination aa bb cc dd, so ergibt sich das Maximalgewicht für Vögel mit der Kombination AA BB CC DD von $100 + 66 + 66 + 30 + 30 = 292$. F_1 -Vögel mit der Kombination Aa Bb Cc Dd und der Gewichtszahl 226 ergeben, wenn sie untereinander gekreuzt werden, eine F_2 -Generation mit Gewichtszahlen von 100 bis 292. Sind vier Faktoren an der Vererbung beteiligt, so erscheinen die extremen Tiere in dieser F_2 -Generation im Schnitt einmal, wenn die F_2 -Generation aus 256 Vögeln besteht."

Die Autoren berechneten für jede Faktorenkombination die entsprechende Gewichtszahl. Ausgehend von diesen Gewichtszahlen und den Körpergewichten der Vögel der F_2 - und F_3 -Generation des Experimentes, errechneten sie die theoretischen Gewichte der Hähne und Hennen für jede Gewichtszahl. Diese theoretischen Gewichte, die ja auf Grund der von den Autoren entwickelten Theorie errechnet wurden, zeigten eine große Übereinstimmung mit den im Experiment tatsächlich gefundenen Körpergewichtsverteilungen. Die geringen Differenzen ließen sich unter Umständen durch nicht genetische Einflüsse auf das Körpergewicht erklären. Solche Einflüsse zogen die Autoren in ihrer Arbeit gar nicht in Betracht, da sie davon ausgingen, daß diese Einflüsse alle Vögel des Experimentes gleichermaßen betrafen.

Im Experiment wurden Kreuzungen zwischen F_1 -und F_2 -Vögel der Kreuzung Sebright X Hamburger mit reinen braunen Leghorns gekreuzt, und man stellte fest, daß im Fall der F_1 -und der großen F_2 -Vögel das Ergebnis in Form einer zweigipfeligen Kurve ausgedrückt wurde, während bei den kleinen F_2 -Vögeln eine eingipfelige Kurve vorlag. Dies kann durch die vorliegende Hypothese erklärt werden. "Ein F_1 -Vogel kann folgende Faktorenkombinationen in seinen Gameten produzieren:

ABCD, ABCd, ABcD, ABcd, AbCD, AbCd, AAbcD, Abcd, aBCD, aBcD, aBcD, abCD, abCd, abcd. Kombiniert mit den Gameten der Kombination abcd einer reinen Rasse, würde eine solche Serie zu folgenden Gewichtszahlen führen: 226, 201 (zweimal) 176, 188 (zweimal), 163 (viermal), 138 (zweimal), 150, 125 (zweimal), 100. Stellt man diese Gewichtszahlen graphisch dar, so erhält man eine zweigipfelige Kurve, wobei die größere Anzahl der Fälle im höheren Gipfel liegt.



Diese Kurvenform kann man immer dann erwarten, wenn F -Tiere oder Tiere mit ähnlicher Faktorenkombination mit reinen Rassen gekreuzt werden." (z.B. obiger Fall bei Kreuzung mit den Braunen Leghorns).

Ein weiterer Punkt, der sich mit der Theorie der Autoren erklären läßt, ist folgender. Nach der Theorie "sind zwei Varianten mit intermediärem Gewicht und derselben Gewichtszahl möglich: AABCCdd und aaBBccDD. Bei einer Paarung zwischen zwei solchen Varianten könnten in der F_1 -Generation Tiere auftreten, die größer oder kleiner als die Elterntiere sind."

Die Vererbung der Karakullocke bei Kreuzungen von bocharischen Fettschwanzschafen (Karakul) mit Rambouillets untersuchte ADAMETZ, L. (1917). Die Wollmerkmale, auf Grund derer sich die Rambouillets von den bocharischen Fettschwanzschafen unterscheiden, sind folgende:

1. Die Rambouillets tragen typische Kammwolle, die Karakuls charakteristische Mischwolle.
2. Die neugeborenen Rambouillet-Lämmer weisen keine Lockenbildung auf, während die Karakul-Lämmer eine charakteristische Lockenbildung zeigen.

Bei den F_1 -Kreuzungslämmern traten alle Übergangsformen auf, von der lockenfreien Beschaffenheit des Vlieses bis zur echten Karakullocke von guter Mittelqualität. Das typische Lammvlies der Rambouillets wurde in der F_1 -Generation nicht gefunden. Das Auftreten lockenfreier, zackelartiger Vliesbeschaffenheit wertete der Autor als einen Fall von Kreuzungsatavismus. Zusammenfassend meinte ADAMETZ, daß bei der Vererbung der Vliesbeschaffenheit in der F_1 -Generation unvollständige Dominanz der Karakullocke vorliegt.

In der F_2 -Generation traten die verschiedensten Übergangsformen zwischen den Ausgangsrassen auf, aber die extremen Formen, das lockenfreie Vlies der Rambouillets und die Primärlocke des Karakuls, fehlten. Die zahlenmäßige Aufspaltung der F_2 -Tiere war folgende: 0 : 4 : 2 : 1 : 3 : 0. (Die beiden Nullen zeigen das Fehlen der Fellqualität der Ausgangsrassen). Auf Grund der auffallend großen Anzahl von Gruppen mit einer bestimmten Lockenqualität und dem Fehlen der Tiere, die weitgehend den Ausgangsrassen entsprachen, kam ADAMETZ zu der Ansicht, daß "mindestens zwei, höchstwahrscheinlich aber mehr Faktoren am Zustandekommen der edlen vollkommenen Karakullocke beteiligt sein müssen." Das Fehlen lockenfreier Vliese in der F_2 -Generation bestätigte, daß das Merkmal Karakullocke dominant vererbt wird. Die F_3 -Generation bestand aus nur drei Lämmern, die sich intermediär verhielten. Dies könnte -laut Autor- darauf hindeuten, "daß wir es bei der Fähigkeit zur Bildung der Karakullocke mit mehreren gleichsinnig wirkenden Faktoren zu tun haben." Bei der Rückkreuzung zwischen weiblichen F_1 -Tieren und

einem Karakulbock zeigten alle Rückkreuzungstiere Lockenbildung im unterschiedlichsten Grade. Die eine Hälfte dieser Tiere hatte gute, dem reinen Karakul gleichende Fellqualität, die andere Hälfte nur mangelhafte Fellqualität. Die Rückkreuzungsergebnisse bestätigen die Dominanz der Karakullocke.

Zwei weitere Kreuzungen wurden durchgeführt:

1. Karakul X Zackelschaf
2. Karakul X Kärtner Landschaf

Im Gegensatz zur Kreuzung Karakul X Rambouillet trat hier schon in der F_1 -Generation eine Aufspaltung der Vliesbeschaffenheit mit dem Auftreten beider Ausgangsrassen ein. Bei der Rückkreuzung der F_1 -Bastarde mit Karakulböcken traten vereinzelt völlig lockenfreie Tiere auf, und zwar auch noch in der zweiten und dritten Rückkreuzungsgeneration. ADAMETZ wertete dies als Hinweis auf die Unvollkommenheit der Dominanz bei der Vererbung der Karakullocke.

PUNNETT, R.C. und BAILEY, P.G. (1918) kamen bei ihren Kreuzungen mit Kaninchen (Flemisch X (Himalaya X Havanna X Dutch) und Flemisch X Polish) zu dem Ergebnis, daß bei Kreuzungen großer und kleiner Rassen die F_1 -Generation intermediär war und daß die F_2 -Generation eine größere Variation zeigte. Zudem fiel in der F_2 -Generation auf, daß diese Tiere kleiner waren als die F_1 -Tiere, die leichtere Ausgangsrasse aber nicht ganz erreichten.

Der Frage, ob es einen konstant- intermediären Rassenbastard in der Schafzucht gibt, gingen BAUER, E. und KRONACHER, C. (1919) nach. Bei der Untersuchung von Meleherden (Kreuzung Merino X Leicester) konnten die Autoren die verschiedenen Generationen und auch Rückkreuzungen beobachten. Sie fanden in der F_2 -Generation und in höheren Generationen Tiere, die den Ausgangsrassen vollkommen entsprachen. Aus der Tatsache, daß solche Ausgangsformen in der F_2 -Generation und späteren Generationen sehr selten auftraten und daß die meisten Tiere dieser Generation einen intermediären Wollcharakter aufwiesen,

schlossen die Autoren auf die Beteiligung einer größeren Anzahl von gleichsinnig wirkenden Faktoren an der Vererbung des Wollcharakters.

Über einen Kreuzungsversuch zwischen Holstein-Friesians und Guernseys an der Universität von Illinois referierte CASTLE, W.E. (1919). Dieser Versuch wurde 1911 von BOWLKER, T.J. begonnen, mit dem Ziel, hohen Milchertrag und hohen Fettertrag zu vereinigen. Die F_1 -Tiere in der ersten Laktation lagen um 467 englische Pfund über dem Durchschnittswert der Eltern, in der zweiten Laktation um 1129 englische Pfund. Diese Steigerung führte CASTLE auf das "Luxurieren der Bastarde" zurück. Eine Geschlechtsgebundenheit hielt er für unwahrscheinlich, da reziproke Kreuzungen keinen Unterschied ergaben.

PEARL, R. (1917) hatte, um die Milchvererbung durch Rassenkreuzungen zu klären, auf der Maine Station eine sogenannte Mendelherde aus verschiedenen Rassen aufgestellt. 1917 war die F_1 -Generation fast vollständig, und auch schon einige F_2 -Tiere waren vorhanden. GOWEN (1918a) führte diese Arbeit fort und veröffentlichte die ersten Ergebnisse, wonach die Milchleistung in der F_1 -Generation dominant war. Ein Jahr später (GOWEN 1919) berichtete er, daß die Milchleistung der F_1 -Generation eher intermediär war, aber mit Annäherung an die Elternrasse mit der höheren Leistung. In der folgenden Studie brachte GOWEN einen ausführlichen Bericht über diese Versuche und die Ergebnisse.

GOWEN, J.W. (1920a) versuchte, durch Kreuzungen zwischen Milch- und Fleischrinderrassen die Vererbung wichtiger quantitativer Merkmale, nämlich der Milchmenge und des Fettgehaltes der Milch, zu klären.

Es wurden Rinder aus drei verschiedenen Leistungsgruppen in bezug auf die Milchleistung gekreuzt und dann die Milchleistung der F_1 -Tiere mit derjenigen der Eltern verglichen. Dabei bildeten Aberdeen Angus Rinder die Gruppe mit geringer Milchleistung und zur Gruppe mit mittlerer Milchleistung zählten die Rassen Jersey, Guernsey und Ayrshire. Die Milchleistungen bezogen sich jeweils auf eine Laktationsdauer von acht Monaten. Die Zahlen für die Fähigkeit zur Vererbung der Milchleistung der Bullen stammten aus dem Durchschnitt der Töchterleistungen der Bullen bei der Paarung mit Kühen derselben Rasse. Als Basis für die Alterskorrektur wurde das Alter von zwei Jahren gewählt.

GOWEN fand, daß die Milchleistung der F_1 -Kreuzungstiere intermediär zwischen den Leistungen der Eltern lag, egal welche Rassen gekreuzt wurden. Mit Ausnahme eines Kreuzungstieres, dessen Milchleistung sich dem Elter mit der geringen Milchleistung annäherte, konnte man bei allen anderen elf durchgeführten Kreuzungen eine Annäherung an den Elter mit der höheren Leistung feststellen. Daraus schloß GOWEN, "daß bei der Vererbung der Milchmenge die hohe Milchmenge anscheinend unvollständige Dominanz über die niedrige Milchmenge zeigt."

Bei dem Kreuzungstier, das hiervon eine Ausnahme machte, schien - lt. Autor - "wahrscheinlich eine Abspaltung von Faktoren für geringe Milchleistung von den Faktoren für hohe Milchleistung, die die Mutter trägt" vorzuliegen. Bei Kreuzungen der Tiere der Gruppe 1 (Holstein Friesian) mit Tieren der Gruppe 2 (Guernsey, Jersey, Ayrshire) war die mittlere Milchleistung bei drei F_1 -Nachkommen 8,4mal der höheren Leistung näher als der niedrigeren. Zwischen Gruppe 1 und Gruppe 3 (Aberdeen Angus) war die mittlere Milchleistung der F_1 -Tiere 2,2mal der höheren Leistung näher (aber es lag nur ein F_1 -Kreuzungstier vor). Zwischen Gruppe 2 und 3 war die mittlere Milchleistung der F_1 -Tiere 7,7mal der höheren Leistung näher (bei acht F_1 -Nachkommen).

GOWEN verglich die F_1 -Tiere, um festzustellen, welchen Effekt die höhere Leistung des Bullen auf die Nachkommen hatte, verglichen mit dem Effekt, den die hohe Leistung hatte, wenn sie

bei den Kühen vorlag. Er fand dabei aber im vorliegenden Versuch kein klares Ergebnis. Modifizierende geschlechtsgebundene Faktoren schienen nicht vorzuliegen.

Zur Aufklärung der Vererbung des Milchfettgehaltes wurden von GOWEN, J.W. (1920b) in einer weiteren Arbeit die gleichen Kreuzungen, wie oben geschildert, untersucht. Der Milchfettgehalt zeigte bei der Ayshire Rasse eine beträchtliche Abhängigkeit vom Alter der Tiere, eine geringe Abhängigkeit bei den Jersey- und Guernsey Rassen und keine Abhängigkeit bei den Holstein Friesians. Um die Leistung der Rassen vergleichen zu können, mußte eine Alterskorrektur durchgeführt werden, dabei wurden die F_1 -Tiere, wie die Jerseys und Guernseys, korrigiert. Der Fettgehalt der Bastard-Kühe und der ihrer Mütter ergab sich aus dem Fettgehalt der verschiedenen Laktationen während des Lebens und bezog sich auf den jeweils selben Laktationsmonat. Die Fettgehaltsveranlagung der Bullen wurde aus dem Fettgehalt seiner reinrassigen Töchter bestimmt. Der Milchfettgehalt bezog sich jeweils auf den Durchschnitt von acht Monaten Laktationsdauer.

Um die Änderung im Milchfettgehalt bei den Nachkommen aufzuzeigen, wurden die im Experiment gemachten Beobachtungen gemäß der verschiedenen Kreuzungen eingeteilt. Bei allen Kreuzungen, bei denen ein Holstein Friesian Bulle verwendet wurde, näherten sich die Kreuzungstiere ohne Ausnahme dem Elter mit der geringeren Leistung an (im Mittel 3,9mal mehr als dem Elter mit der höheren Leistung). Bei den Kreuzungen mit Holstein Friesian-Kühen war das Ergebnis umgekehrt. Die Kreuzungstiere näherten sich dem Elter mit der höheren Leistung (einmal um 1,4mal mehr, einmal um 7,3mal mehr). Bei Kreuzungen mit Ayrshire-Kühen näherten sich die Kreuzungstiere dem niederen Elter 2,6mal mehr als dem mit der höheren Leistung. Bei der Kreuzung Guernsey-Kuh X Aberdeen Angus Bulle lag das Kreuzungstier 5,5mal näher an der niedrigen Leistung des Bullen als an der hohen der Kuh. Faßt man die verschiedenen Kreuzungen zusammen, so "näherten sich die Kreuzungstiere der Elternrasse mit der geringeren Leistung 2,23mal mehr an als der Elternrasse mit der hohen Leistung."

Beim Vergleich zwischen Milchfettgehalt und Milchmenge stellte GOWEN folgendes fest:

Die Milchmenge der F_1 -Kreuzungstiere lag intermediär zwischen der Leistung der Eltern, näherte sich aber mehr dem Elter mit der höheren Leistung an. Der Milchfettgehalt verhielt sich genau umgekehrt. Der Autor meinte, daß "die wahrscheinlichste Erklärung die ist, daß beide Fälle das Ergebnis unvollständig dominanter Faktoren sind," d.h., daß die Faktoren für geringen Milchfettgehalt (bzw. hohe Milchmenge) insgesamt größere Dominanz besitzen als die Faktoren für hohen Milchfettgehalt (bzw. niedrige Milchmenge).

Das Experiment zeigte weiter, daß beide Eltern an der Vererbung des Milchfettgehaltes beteiligt sind.

COLE, L.J. (1920b) führte an der Wisconsin-Station die Kreuzung Jersey X Aberdeen-Angus durch und fand, daß die F_1 -Tiere in bezug auf die Milchleistung intermediär waren und daß das Merkmal in der F_2 -Generation aufspaltete. In einer zweiten Veröffentlichung (COLE, L.J. 1925) berichtete er, daß die Milchleistung in der F_1 -Generation intermediär war, die hohe Leistung schien jedoch zur Dominanz zu neigen.

Zu einem etwas anderem Ergebnis als BAUER, E. und KRONACHER, C. (1919) kam ADAMETZ, L. (1920) an seinem Material (Kreuzung Karakuls X Rambouillets). Er meinte, daß nicht mehr als zwei Faktoren am Vererbungsgang des Wollcharakters beteiligt sind.

LUSH, J.L. (1921) beschäftigte sich mit der Vererbung verschiedener quantitativer Merkmale beim Schwein. Ergebnisse lagen bei der Vererbung der folgenden Merkmale vor: Kopfform, Ohrform, Farbe, Wachstum, Wurfgröße. Die meisten Kreuzungen wurden mit einem Berkshire-Eber und Jersey- und Tamworth-Sauen durchgeführt. Beim Merkmal Wurfgröße wurden zusätzlich die Ergebnisse der Kreuzung zwischen Europäischen Wildschweinebern und Tamworth- und Berkshire-Sauen hinzugezogen.

1. Wurfgröße:

Ein Europäischer Wildschweineber, der bisher im Schnitt vier Ferkel pro Wurf zeugte, wurde mit einer Tamworthsau mit bisher durchschnittlich elf Ferkel pro Wurf gekreuzt. Von den 38 F_1 -Tieren lag bei Versuchsende erst ein Wurf einer F_1 -Sau vor. Dieser Wurf bestand aus vier Ferkeln. Dieses Ergebnis wertete LUSH als Bestätigung der Ergebnisse von SIMPSON, Q.J. (1912) und gab "einen Hinweis darauf, daß die Wurfgröße des Wildschweines dominant ist."

2. Ohrform:

Die Rasse Berkshire, Tamworth und Wildschwein haben alle aufgerichtete Ohren ("Stehohren"). Kreuzungen zwischen diesen drei Rassen ergaben immer dieselbe Ohrform, nämlich Stehohren. Die Rasse Duroc-Jersey jedoch besitzt eine Ohrform, bei der das letzte Drittel des Ohres hängt. Aus einer Kreuzung Berkshire X Duroc-Jersey gingen 29 F_1 -Tiere hervor. Mit Ausnahme von zwei Tieren hatten alle F_1 -Bastarde die typische Ohrform des Berkshires, nämlich Stehohren. Von 42 Tieren der F_2 -Generation zeigte ein Tier ein typisches Duroc-Jersey-Ohr (hängend), einige Tiere verhielten sich intermediär, aber der größte Teil hatte die Stehohrform der Berkshires. Bei der Rückkreuzung eines F_1 -Ebers mit einer Duroc-Jersey-Sau wurden bis zum Ende des Versuches neun Tiere gezogen. Vier davon zeigten typische Duroc-Jersey-Ohrformen (geklappt), vier hatten aufgerichtete Ohren, und ein Tier konnte nicht eingeordnet werden.

Der Autor zog folgenden Schluß: "Das typische Stehohr der Berkshire ist dominant, bedingt durch einen bis höchstens drei Hauptfaktoren. Dies geht aus den Aufspaltungsverhältnissen der F_2 -Generation (41 Stehohren oder intermediäre Typen zu einem Hängeohr) hervor. Zudem können eine Anzahl von Faktoren mit geringer Wirkung die Größe, die Ausbildung der Ohren und das Hängeohr beeinflussen. Keine Rasse ist homozygot für alle Faktoren, die an der Ausbildung der jeweiligen Ohrform beteiligt sind."

3. Kopfform:

Sowohl die Rasse Tamworth als auch die Wildschweine sind durch eine lange und schmale Kopfform ohne Stirnabsatz charakterisiert. Alle drei erwähnten Punkte sind beim Wildschwein noch etwas extremer ausgebildet als beim Tamworth. Die F_1 -Tiere der Kreuzung Wildschwein X Tamworth näherten sich in der Kopfform, soweit dies zu beurteilen war, dem Wildschwein an. Bei der Rasse Berkshire ist der Kopf kurz, relativ breit und mit einem deutlichen Stirnabsatz versehen. Die F_1 -Generation der Kreuzung Wildschwein X Berkshire zeigt nahezu dieselbe Kopfform wie das Wildschwein. Bei der Kreuzung Berkshire X Tamworth entsprachen die F_1 -Bastarde dem Tamworth. Die F_1 -Generation einer Kreuzung Tamworth X Large Yorkshire (mit einer Kopfform ähnlich dem Berkshire) verhielt sich intermediär.

LUSH resümierte: "Der lange, schlanke Schädel des Tamworth ist dominant über den kurzen, breiten Schädel des Berkshire. Die breite Yorkshire-Kopfform verhält sich zur langen, schlanken Tamworth-Kopfform intermediär. Der kurze breite Berkshire-Kopf und der breite Yorkshire-Kopf müssen daher ähnliche Phänotypen haben, die aber von unterschiedlichen Faktorenkomplexen erzeugt werden."

Die Kopfform der Duroc-Jerseys liegt in etwa zwischen den Extremen der oben genannten Rassen. In der F_1 -Generation der Kreuzung Berkshire X Duroc-Jersey entsprach der Stirnabsatz nahezu dem der Berkshire-Rasse und der Kopf war breit, erreichte jedoch nicht ganz das Berkshire-Extrem. Die Länge und Breite des Kopfes variierte, aber die allgemeine Tendenz dieser Merkmale ging doch mehr in Richtung Berkshire als Duroc-Jersey.

In der F_2 -Generation war die Variation größer als in der F_1 -Generation. Die Aufspaltung in der F_2 -Generation war folgende:

	dem Berkshire ähnlich	intermediär	dem Duroc-Jersey ähnlich
Stirnabsatz	37	2	3
Schädelbreite	17	9	16
Schädellänge	21	7	14

Die Zahlen zeigen, daß in der F_2 -Generation keine kontinuierliche Variation vorlag, und es trat nur eine geringe Anzahl von Phänotypen auf.

Der Autor meinte, "daß verschiedene Faktoren, die sich in der Gewichtung und Dominanz unterscheiden, an der Ausbildung der Kopfform beteiligt sind. Einige dieser Faktoren beeinflussen bestimmte Kopfteile mehr als andere. Die Anzahl der Faktoren ist nicht zu groß, weil sonst unter den geringen Nachkommenzahlen die extremen Ausgangsformen der Eltern nicht auftreten würden."

An der Kreuzung Berkshire X Duroc-Jersey wurde die Vererbung des Merkmals "Wüchsigkeit" untersucht. Bei allen Tieren wurde immer die bestmögliche Ration gefüttert, um maximale Zunahmen zu erreichen, so daß Daten aus verschiedenen Jahren und Jahreszeiten verglichen werden konnten. Die Nachkommen der Kreuzung wurden bei der Geburt und danach monatlich gewogen. LUSH berechnete die Variationskoeffizienten des Gewichtes der verschiedenen Generationen. Er stellte fest, daß die Variabilität der F_2 -Generation deutlich größer war als die der F_1 -Generation. Daraus schloß er, "daß einige der Faktoren, die das Wachstum steigern können, in der Duroc-Jersey-Rasse nicht identisch sind und daß ein gewisser Grad an Homozygotie für diese wachstumssteigernden Faktoren innerhalb jeder Rasse vorhanden ist."

VON LOCHOW, F. (1921) veröffentlichte eine Arbeit, in der er Tabellen von acht Stammüttern und ihren Nachkommen aufstellte. Diese Tabellen enthielten unter anderem das Geburtsdatum, die Eltern, die Anzahl der Kontrolljahre, die Milchleistung der Kuh pro Kontrolljahr, den Stalldurchschnitt, den Mehr- oder Minderertrag der Kuh gegen den Stalldurchschnitt. Das Resultat der Arbeit war: Die Milchergiebigkeit beruht auf mehreren mendelnden Faktoren. Eine eigentliche genetische Analyse führte LOCHOW nicht durch.

SPÖTTEL, W. und TÄNZER, E.(1922) untersuchten die Vererbung der Wollfeinheit bei Leicester- und Merinokreuzungen. Sie hielten dieses Merkmal für polymer bedingt.

RITZMANN, E.G. (1923) berichtet über die Vererbung der Größe und Körperformen bei der Kreuzung Rambouillet X Southdown. Bezüglich der Rumpfform hielt er wegen der größeren Variabilität der F_2 -Generation an der Vererbung mehrere Faktoren für beteiligt. In der F_1 -Generation fand er unvollständige Dominanz der breiteren Brust des Southdowns.

MÖLLER, H. (1923) kreuzte Fettsteißschafe und Landschafe (Frankenschaf, Rhönschaf, Leineschaf), um die Vererbung der Haardicke aufzuklären. Die Fettsteißschafe wiesen eine typische Mischwolle auf, die aus Flaumhaar, Mittelwolle und Grannenhaar bestand. Die Landschafe hatten einen einheitlichen Haartyp mit einer gleichmäßigen Verteilung der Haardicke zwischen 28,8 - 33,6 μ . Von 24 untersuchten F_1 -Tieren wiesen fast alle das Grannenhaar auf. Die typische Wollverteilung der Landschafe trat bei den Herbstschuren auf. Bei den Frühjahrsschuren, vor allem in den ersten Lebensjahren, fand sich die typische Wollverteilung der Fettschwanzschafe. Zur Erklärung der Vererbungserscheinungen nahm der Autor einen Faktor an, der eine gewisse Variabilität und eine Beeinflussung durch physiologische Umstände zuließ. Er ging beim Landschaf von einem Hemmungsfaktor H für Grannenhaare aus, der nur bei Homozygotie voll zur Wirkung kommt. Die in der F_1 -Generation auftretende Landschafwolle wurde durch einen vom Landschaf vererbten Verdickungsfaktor V erklärt. Dieser wird im Winterhalbjahr durch einen physiologischen Faktor gehemmt, so daß bei der Frühjahrsschur der vom Fettsteißschaf vererbte Faktor V, der das Auftreten von Flaumhaaren bedingt, in Erscheinung tritt. Es wurde nur eine kleine Anzahl von F_2 -Tieren beobachtet, deren Verteilung auf vier Klassen -lt.Autor- darauf hinweist, daß die Annahme von zwei Hauptfaktoren berechtigt sei.

ELLINGER, T. (1923) untersuchte eine Herde von 700 Kühen, die aus roten Dänen, Jerseys und Kreuzungstieren bestand. Er fand, daß die Milchleistung im allgemeinen intermediär war, doch mehr dem Elter mit der höheren Leistung nahestand, und zwar umso mehr, je mehr die Kuh diesem rassemäßig verwandt war. Über den Erbgang selbst machte ELLINGER keine Angaben.

TERHO, T. (1924) untersuchte die Vererbung einiger Wollmerkmale beim Meleschaf. Das Meleschaf ist eine Kreuzung aus Merino und Border-Leicester. Es wurde die Haardicke und deren Variation, das Vorkommen und die Form des Markstranges und die Größe der Kräuselungsbögen, ausgedrückt in Stapellänge, bei den Ausgangsrassen, der F_1 - und F_2 -Generation sowie der Rückkreuzung $F_1 \times$ Merino und $F_1 \times$ Leicester, untersucht.

Aus Tabelle 2 und Abbildung 2 geht hervor, daß sich die mittlere Wollhaardicke in der F_1 -Generation intermediär vererbt. An der Aufspaltung (Tab. 2) ist ersichtlich, daß keine monohybride Kreuzung vorlag.

Tab. 2 Mittelhaardicke der einzelnen Tiere

Abstammung der Tiere	Anzahl Tiere	Mittelwert μ	Standard- abweichung μ	Mittelhaardicke der einzelnen Tiere in μ															
				16	18	20	22	24	26	28	30	32	34	36	38	40	42	44	
Leicester	6	40,0													2		3	1	
Merino	40	22,7	2,08	1	3	8	19	7	2										
F ₁ - Generation	24	31,0	3,51					1	2	2	3	4	8	3	1				
F ₂ - Generation	22	30,0	4,38						2	4	4	5	7						
F ₁ X Leicester	8	31,3								2		3	2		1				
F ₁ X Merino	79	26,4	2,49				3	10	21	24	16	4	1						

Um die Anzahl der beteiligten Gene zu bestimmen, verwendete der Autor folgende Formel nach CASTLE, W.E. (1921 a und b).

$$n = \frac{D^2}{8(\delta_2^2 - \delta_1^2)}$$

n = Anzahl der Faktorenpaare

D = Differenz zwischen den Mittelwerten der gekreuzten Rassen

δ_1 bzw. δ_2 = Standardabweichungen der F_1 - und F_2 -Generation

TERHO betonte, "diese Formel gibt exakte Resultate nur in solchen intermediären Vererbungsfällen, wo die gekreuzten Elternrassen homozygot sind und gleichzeitig die äußersten Formen der jeweiligen genetischen Variationsbreite darstellen, ... Auch müssen alle beteiligten Faktoren denselben Effekt ausüben. SHULL G.H. (1921) hat hervorgehoben, daß die durch die fragliche Formel ermittelte Faktorenzahl bei Dominanz auch nur einiger Gene eine zu niedrige ist. Weiter wird das Resultat kleiner als die Anzahl der differierenden Faktoren, wenn die Ausgangsrassen nicht homozygot sind, die P-Rassen bei Homozygotie entweder verschiedene positive oder verschiedene negative Gene enthalten oder Hemmungs- bzw. Aktivierungsfaktoren vorkommen. Die Formel scheint allerdings in keinem Fall eine zu hohe Faktorenzahl zu geben." Da der Autor im vorliegenden Fall nur die ungefähre Faktorenzahl, insbesondere die Minimalzahl wissen wollte, konnte die Formel verwendet werden, obwohl die oben angeführten Voraussetzungen nicht erfüllt waren.

$$n = \frac{17,3^2}{8 (4,38^2 - 3,51^2)} = 5,4 \text{ Faktorenpaare}$$

TERHO verglich zudem die Verteilungskurven dieses Merkmales der F_2 - Generation und der F_1 X Merino-Rückkreuzung mit den idealen binomialen Kurven und fand, daß sich die F_1 X Merino-kurve am besten der Kurve annäherte, bei der es sich um $(a + b)^6$ oder noch höhere Potenzen handelt. Die F_2 - Kurve zeigt die beste Annäherung an Idealkurven der zehnten oder noch höheren Potenzen (Abb.2). Demnach würden mindestens fünf bis sechs Genpaare an der Vererbung der Wollhaardicke beteiligt sein.

Die Verteilung der Variabilität der Haardicke in den verschiedenen Generationen ist aus der Tabelle 3 ersichtlich.

Tab. 3 Die Variabilität der Haardicke bei den untersuchten Schafen.

[illegible]

Die Merinoschafe hatten die geringste und die Leicester-Tiere die größte Variabilität der Haardicke aufzuweisen. Die Kreuzungstiere verhielten sich intermediär. In allen Generationen liegen große Variabilitäten vor. Obwohl die Variabilität in naher Beziehung zur mittleren Haardicke (der ermittelte Korrelationskoeffizient zwischen der mittleren Haardicke und der Variabilität der Haardicke in denselben Proben war $+0,59 \pm 0,05$) stand, schwankte sie auch bei Tieren mit derselben mittleren Haardicke in einem recht weiten Spielraum. Daraus schloß der Autor, "daß die von der mittleren Haardicke unabhängigen Schwankungen erblich selbständig veranlagt sind." Berechnungen mit der Formel nach CASTLE ergaben für die Variabilität der Haardicke mindestens 7,9 Faktorenpaare.

Die Stapellänge der Kräuselungsbögen ergab folgende aus Tabelle 4 ersichtliche Verteilung.

Tab. 4 Die Stapellänge der Kräuselungsbogen.

[illegible]

Die kurzen Kräuselungsbögen der Merinorasse schienen teilweise über die langen Bögen der Leicester zu dominieren. Über die Anzahl der beteiligten Faktoren ließen sich auf Grund der vorliegenden Zahlen keine Angaben machen. Die Tatsache, daß die gröbste bzw. die feinste Kräuselung in der F_2 -und späteren Generation sehr selten war, wies -lt.Autor- darauf hin, daß hier Polymerie vorliegt.

Ein vollkommen entwickelter Markstrang wurde nur bei einzelnen Haaren der Leicester-Proben gefunden. Bei den Merinos und Merinokreuzungstieren war kein Markstrang vorhanden, bei den übrigen Kreuzungsschafen nur in fünf Fällen und auch hier in unvollkommener Form. Der Markstrang schien von der Haardicke unabhängig zu variieren und selbständig vererbt zu werden. Das seltene Auftreten des Markstranges bei den Kreuzungstieren führte TERHO zu dem Schluß, daß die untersuchten Leicester-Tiere in dieser Eigenschaft heterozygot waren und daß auch bei der Vererbung dieses Merkmals Polymerie vorlag.

MACALIK, B. (1924) verglich die Wolle slowakischer Schafe mit der von Kreuzungstieren der slowakischen Schafe mit anderen Rassen, vor allem Merinos und englischen Fleischschafen. Hinsichtlich der Wollfeinheit bei der Kreuzung grobwolliger Schafe mit feinwolligen fand er, daß die Wolle der Kreuzungstiere eine Mittelstellung zwischen den Ausgangsrassen einnahm. Bei der Wolllänge fand der Autor ebenfalls eine intermediäre Stellung der F_1 -Tiere, da sie im allgemeinen eine kürzere Wolle hatten als ihre langwolligen Vorfahren, aber eine längere als die kurzwolligen Elterntiere.

KOPEC, S. (1924) untersuchte die Vererbung des Gewichtes beim neugeborenen Kaninchen im Gegensatz zu anderen Autoren, die stets mit dem Gewicht erwachsener Tiere arbeiteten. Bei der Kreuzung Himalaya wbl. X Silberkaninchen mnl. fand er das Gewicht in der F_1 -Generation intermediär, in der F_2 -Generation fand er annähernd dasselbe Durchschnittsgewicht wie in der F_1 -Generation, aber eine größere Variation des Gewichtes.

Bei der reziproken Kreuzung konnte der Autor in der F_1 -Generation eine Dominanz der leichten Silberkaninchen feststellen, und auch in der F_2 -Generation lag eine Verschiebung der Körpergewichte zur leichten Rasse vor.

ADAMETZ, L. (1924) untersuchte die Vererbung verschiedener morphologischer und physiologischer Merkmale an Kreuzungen zwischen rotscheckigen Ostfriesen und Kuhländer Rindern in der F_1 -Generation und der Rückkreuzungsgeneration aus $F_1 \times$ Ostfriesen. Insgesamt standen 67 Tiere zur Verfügung. ADAMETZ fand folgende Ergebnisse:

Die Rumpflänge (Buggelenk - hinterer Sitzbeinhöcker) war bei den Kuhländern größer als bei den Ostfriesen. In der F_1 -Generation wurde die größere Rumpflänge dominant vererbt.

Die Rückenlänge der Kuhländer war größer als die der Ostfriesen. Letztere (Ostfriesen) verhielten sich bei der Vererbung in der F_1 -Generation dominant.

Die mittlere Lendenlänge der Ostfriesen verhielt sich gegenüber der kleineren der Kuhländer dominant.

Die Beckenlänge beider Rassen verhielt sich gleich.

Die Höhenmaße verschiedener Punkte am Becken geben Aufschluß über die Beckenlage. Die Lage des Kuhländer-Beckens erschien bei den meisten Tieren fast horizontal, einige zeigten sogar ein mäßiges Ansteigen des Beckens in kaudaler Richtung. Bei den Ostfriesen war das Becken ein wenig nach hinten und abwärts geneigt. Die Kreuzungstiere (F_1 -Generation und Rückkreuzung) zeigten Dominanz des normal gelagerten Beckens der Ostfriesen.

Das Kreuzbein stieg bei den Kuhländern kaudalwärts mäßig an, bei den Ostfriesen war die Lage horizontal. Die Kreuzbeinlage der Ostfriesen erwies sich in der F_1 -Generation als dominant. Der Schwanzansatz der Kuhländer lag hoch, jener der Ostfriesen normal. In der F_1 -Generation lag Dominanz des normalen Schwanzansatzes vor.

Während die Rumpftiefe bei beiden Rassen in etwa gleich war, war die relative Rumpftiefe (bezogen auf die Rumpflänge) bei den Ostfriesen größer. Bezüglich der relativen Rumpftiefe verhielten sich die Kuhländer bei der Vererbung dominant.

Die relative Länge der Extremitäten (bezogen auf die Rumpflänge) stieg in der F_1 -Generation über die Werte der beiden Elternrassen und wurde vom Autor als eine Ausartungserscheinung interpretiert.

Die Bugbreite war bei beiden Rassen in etwa gleich.

Die Brustbreite hinter der Schulter war bei den Ostfriesen größer als bei den Kuhländern. Die Kuhländer verhielten sich in der F_1 -Generation dominant.

Die Brustbreite am kaudalen Ende des Brustkorbes war bei den Kuhländern deutlich größer als bei den Ostfriesen. Die F_1 -Generation verhielt sich intermediär, mit Annäherung an die Kuhländer. Bezüglich der Lendenbreite waren zwischen den beiden Rassen keine wesentlichen Unterschiede vorhanden.

Die kleinere vorderé Beckenbreite (Abstand der Darmbeinhöcker) der Ostfriesen verhielt sich dominant gegenüber der größeren der Kuhländer.

Die relative hintere Beckenbreite (Abstand der Sitzbeinhöcker in Prozent der Rumpflänge) war bei den Ostfriesen größer und vererbte sich vollkommen dominant. Die Ostfriesen mit geringerem Umfang des Metacarpus erwiesen sich gegenüber den grobknochigen Kuhländern bei diesem Merkmal als vollkommen dominant.

Der Milchfettgehalt wurde in zwei je sechs aufeinanderfolgende Tage umfassenden Perioden bestimmt. Die Leistungen wurden auf den zweiten bis sechsten Laktationsmonat umgerechnet. Der mittlere Fettgehalt der Kuhländer betrug 3,6 %, der der Ostfriesen 2,6 %. Die gezogene F_1 -Generation verhielt sich intermediär (2,98 %).

Das Zahlenmaterial der Milchleistung stammte aus 14-tägigen Probemelkungen. Der durchschnittliche Jahresmilchertrag betrug 2100 l bei den Kuhländern, 3000 l bei den Ostfriesen, 2400 l bei den F_1 -Tieren und 2250 l bei den Tieren der Rückkreuzung F_1 X Ostfriesen.

Um die Vererbung der Empfindlichkeit gegen Futterwechsel und dessen Einfluß auf die Milchleistung zu bestimmen, ging ADAMETZ folgendermaßen vor:

Es wurden Resultate der zwei dem Futterwechsel vorangegangenen und der zwei ihm folgenden Probemelkungen herangezogen. Die Kuhländer waren in bezug auf ihre Milchleistung weniger empfindlich gegen Futterwechsel als die Ostfriesen. Die F_1 -Generation verhielt sich diesbezüglich ähnlich wie die Kuhländer-Rasse. Nach Meinung des Autors lag unvollständige Dominanz vor.

Zudem war der Anstieg der täglichen Milchleistung bei Futterwechsel von schlechter zu besser bei den Kuhländern größer als der Abfall der Milchleistung beim Wechsel vom besseren zum schlechteren Futter (2,1 l zu 1,7). Die Ostfriesen verhielten sich umgekehrt. Bei den F_1 -Tieren lag intermediäres Verhalten vor.

KRONACHER, C. (1924) führte Kreuzungen zwischen verschiedenen Schweinerassen durch, um die Vererbung des Haar- und Hautpigmentes und der Körperformen und -merkmale zu untersuchen.

1. Kreuzung: Halbrotes bayerisches Landschwein mnl. X Weißes deutsches Edelschwein wbl. und reziprok.

Form und Stellung des Ohres:

Das Edelschwein besaß eine große, mehr stehende, breite Ohrmuschel, das bayerische Landschwein eine längliche, leicht hängende Ohrmuschel. Alle F_1 -Tiere zeigten im ausgewachsenen Zustand eine intermediäre Ohrausbildung in Form, Größe und Neigung. Die innerhalb der intermediären Ausbildung deutlich vorhandenen Abstufungen deuteten laut Autor auf polymere Bedingtheit dieses Merkmals hin. Dabei war die Ohrstellung unabhängig von der Ohrform, was verschiedene Erbanlagen für diese Merkmale wahrscheinlich macht.

Körperform:

Die Körperform war in der F_1 -Generation im allgemeinen intermediär. Die F_1 -Tiere waren breiter als die Landschweine,

aber etwas runder gerippt, ziemlich lang, die Muskulatur war besser entwickelt als beim Landschwein, der Rücken mehr eben und nicht so stark gebogen, und auch das Becken war nicht so stark abschüssig wie beim Landschwein.

In der F_2 -Generation kamen neben intermediären Formen auch Tiere vor, die den Ausgangsrassen glichen. Das Herausspalten des Gesamttypus der Ausgangsrassen ließ den Autor vermuten, daß Kopplung bei den Anlagen für die Körperperformen vorliegt. Er meinte, daß erst im "praktischen Zuchtbetrieb, nach Kreuzungen, meist üblichen wiederholten Rückkreuzungen und vielfältigsten Anpaarungen der Kreuzungsnachkommen verschiedenster Generationen, auf Grund von Faktorentausch die verschiedenartigsten Zusammenstellungen der Einzelformen entstehen."

2. Kreuzung: Halbrotes bayerisches Landschwein wbl. X Deutsches veredeltes Landschwein mnl.

Die Gesamtkörperform und die Ohrform der F_1 -Tiere war größtenteils intermediär. In der Kopf- und Beckenform war das bayerische Landschwein dominant.

Bei der Ohr- und Körperform traten in der F_2 -Generation alle Übergänge zwischen den Ausgangsrassen auf. Die Beckenform des bayerischen Landschweines verhielt sich auch in der F_2 -Generation dominant und schien unabhängig von der Gesamtkörperform vererbt zu werden.

3. Kreuzung: Deutsches Edelschwein mnl. X Hannover-braunschweigisches Landschwein wbl.

Die Gesamtkörperform wurde in der F_1 -Generation intermediär vererbt. In der Kopf- und Beckenform schien das Landschwein dominant. Die F_1 -Tiere hatten Stehohren wie das Landschwein, jedoch etwas breiter.

In der F_2 -Generation traten deutliche Unterschiede zwischen den einzelnen Tieren in der Kopf- und Körperausbildung auf. Es erschienen wieder die Ausgangstypen der Elterngeneration, was auf Kopplung der Erbanlagen hinweist.

4. Kreuzung: Deutsches Edelschwein X Cornwall und reziprok.

In der F_1 -Generation vererbten sich die Kopfform, die Gesamtkörperform und die Länge des Ohres intermediär. Das Schlappohr des Cornwalls verhielt sich dominant zum Stehohr des Edelschweins.

In der F_2 -Generation zeigten sich Aufspaltungen der Merkmale und auch Kombinationen der verschiedenen Merkmale bei einem Tier. Vielfach wurde auch die Gesamttrumpfform der Ausgangsrassen beobachtet.

5. Kreuzung: Veredeltes Landschwein X Cornwall

Bei der Körper- und Ohrform der F_1 -Tiere trat durchwegs die Form des veredelten Landschweines auf. Es liegen keine Angaben über die F_2 -Generation vor.

6. Kreuzung: Cornwall X bayerisches Landschwein

In der F_1 -Generation dominierte die Hochläufigkeit des Landschweines über den niedrigen Stand über dem Boden, den das Cornwall zeigte. Auch das stark abschüssige, kurze Becken der Landschweine erwies sich als dominant. Die Vererbung der Kopfform war intermediär. Hinsichtlich der Ohrausbildung schien das Schlappohr zu dominieren. Die Ohrform, nach Länge wie nach Größe bzw. Breite der Ohrmuschel, war intermediär. Der Rumpf wies ebenfalls eine intermediäre Gestaltung auf. Die F_1 -Tiere waren starkknochig, teilweise starkknochiger als beide Ausgangsrassen.

In der F_2 -Generation traten unterschiedlich intermediäre sowie auch cornwall- und landschweinähnliche Typen zutage. Die Ohrform war nach Neigung, Länge und Breite des Ohres zumeist intermediär, vereinzelt zeigte sich die Ohrform des Landschweines, nie aber die des Cornwalls.

Die Tiere der Rückkreuzung F_1 X Bayerisches Landschwein wiesen größtenteils die Formen des Landschweines auf, vor allem bezüglich der Kopflänge, der Ohrform, der Länge des Rumpfes, der Form des Beckens und der Länge der Beine.

Zusammenfassend stellte KRONACHER fest, daß die Anlagen für die Gestaltung des Kopfes im ganzen, des Ohres, für die Beckenform und -neigung und für die Beinlänge sich nach vorliegenden Beobachtungen und Versuchen selbständig vererbten, während die Gesamtrumpfgestaltung sich zunächst mehr wie eine Einheit verhielt, was auf gekoppelte Erbanlagen hierfür schließen lies. Die Gesamtrumpfform, mit Ausnahme der Beckengestaltung, war in der F_1 -Generation im allgemeinen intermediär. Auch die Kopfgestaltung der F_1 -Tiere war intermediär, wobei bei Kreuzungen mit lang- und geradeköpfigen Landschweinen die Kopfform mehr nach dem Landschwein neigte. Die Ohrausbildung nach der Form und Größe der Ohrmuschel wies bei den verschiedenen Kreuzungen intermediären Charakter auf. Die Ohrausbildung in dieser Richtung scheint polymer durch mehr oder weniger viele gleichsinnig wirkende Faktoren bedingt zu sein. Das Hängeohr erschien dominant. Dominant war auch die mehr oder weniger kurze, stark abfallende Form des Beckens und die Hochbeinigkeit der Landschweine.

In der F_2 -Generation war dem oben geschilderten erblichen Verhalten der einzelnen Körpermerkmale entsprechend, auch das Wiederauftreten der elterlichen Ausgangstypen (neben intermediären Formen) und das Erscheinen verschiedenster Neukombinationen festzustellen.

NICHOLS, J.E. (1925) kreuzte die Schafrassen Border "Leicester und Cheviot, um die Aufspaltung von verschiedenen Merkmalen in späteren Generationen zu untersuchen und die bei Züchtern zur damaligen Zeit vorherrschende Meinung vom Vorliegen einer konstant-intermediären Vererbung ("Blending Inheritance") zu widerlegen.

Der Autor führte keine Messungen der zu untersuchenden Merkmale durch, sondern beschrieb diese lediglich.

In der F_1 -Generation nahmen die Kreuzungstiere in der Woll-, Kopf und Körperform eine Zwischenform zwischen den Ausgangsrassen ein.

Bei den F_2 -Lämmern zeigte sich im Alter von drei Monaten folgende Aufspaltung nach Wolle, Kopf- und Körperform:

18 Typische Border-Leicester

64 intermediäre Tiere

20 undefinierbare Tiere (z.B. Tier mit dem Wollcharakter des Border-Leicester, aber der Körperform des Cheviot usw.)

1 typisches Cheviot.

Die weiblichen Tiere wurden aufgezogen und ein Jahr später erneut untersucht:

16 typische Border-Leicester

51 intermediäre Tiere

16 undefinierbare Tiere (wobei aber zwei dem Cheviot nahe kamen).

NICHOLS zog folgende Schlüsse:

Die F_1 -Generation lag intermediär zwischen den Eltern, war weitgehend uniform, wobei kein F_1 -Tier genau einer der Elternrassen entsprach.

In der F_2 -Generation trat eine größere Variation als in der F_1 -Generation auf und eine deutliche Aufspaltung in Tiere, die den Ausgangsrassen entsprachen und allen Zwischenstufen zwischen den Ausgangsrassen.

Die typische Rumpfform (geringes Höhen-Längenverhältnis), die Langbeinigkeit, die typische Kopfform und die Wolllänge des Border-Leicester schien unvollständig dominant vererbt zu werden.

"In bezug auf die Vererbung der Körperform" hielt NICHOLS "eine Anzahl von Hauptfaktoren für beteiligt, deren Wirkung von mehreren geringer wirkenden Faktoren modifiziert wird."

Das seltene Auftreten der Vliesbeschaffenheit der Elternrassen in der F_2 -Generation deutet auf das Vorliegen einer größeren Anzahl multipler Faktoren bei diesem Merkmal hin.

Auf Grund der gefundenen Ergebnisse wurde deutlich, daß sich die Faktoren der untersuchten Eigenschaften nach den Mendelschen Regeln mit Aufspaltung und Rekombination verhielten und daß keine konstant-intermediäre Vererbung vorlag.

DARLOW, A.E. (1925) beschäftigte sich mit der Vererbung verschiedenster Merkmale bei Kreuzungen von Dorset-, Rambouillet-, Merino- und Shropshireschafen. Hinsichtlich der Wollfeinheit fand er ein intermediäres Verhalten der F_1 -Tiere. Auch das Vliesgewicht wurde bei seinen Kreuzungen intermediär vererbt, aber mit einer deutlichen Annäherung an den Elter mit dem geringeren Vliesgewicht.

Bei der Kreuzung Silver Hamburger X Weiße Cornish, die MAY, H.G. (1925) durchführte, lag das Durchschnittsgewicht der F_1 - und der F_2 -Generation etwa so hoch wie das Durchschnittsgewicht der schweren Rasse Cornish. Dies führte der Autor auf Heterosis-Wirkung zurück. Die Variabilität der Filialgeneration war nicht größer als die der Elternrassen.

VON PATOW, C. (1925) führte Studien über die Vererbung der Milchergiebigkeit durch. Das Material stammte aus 50-jährigen Probemelkaufzeichnungen der Güter Calberwisch und Achtenhagen in der Altmärkter Wische.

Insgesamt waren die Aufzeichnungen von 723 Kühen vorhanden. Als Maß für die Milchleistung wählte der Autor die Leistung des Einzeltieres nach Zwischenkalbezeiten (Laktationen). Die äußeren, umweltbedingten Einflüsse glaubte VON PATOW durch die Wahl des Materials weitgehend auszuschalten (kontinuierliche Leitung der Zucht und damit der Festsetzung und Festhaltung des Zuchtzieles, Aufzucht, Alter der ersten Zuchtbenutzung, Fütterung, Haltung des Milchviehs und das Melken). Der Einfluß der Witterung in den verschiedenen Jahren wurde durch das Verhältnis der Durchschnittserträge der Ganzjährigen (Kühe, die ganzjährig unter Kontrolle standen) ausgeschaltet.

Dann rechnete VON PARTOW die Erträge jeder Zwischenkalbezeit und jeder Kuh auf eine Norm um. Als Norm wählte er den Durchschnittsertrag der Ganzjährigen in den gesamten 50 Jahren der Untersuchung (8 kg je Kuh und Tag).

$$\text{Umrechnungsformel: } \frac{\text{wirklicher Ertrag}}{\text{Stalldurchschnitt der Ganzjährigen}} = \frac{X}{8}$$

Man kann sagen, der Ertrag nach Norm "ist der Ertrag, den die Kuh erbracht hätte, wenn der Durchschnittsertrag der Ganzjährigen durch Ausschalten aller äußeren Einflüsse Jahr für Jahr auf 8 kg geblieben wäre." Weitere Fehlerquellen führten zum Ausscheiden der betreffenden Zwischenkalbezeiten, gegebenenfalls des ganzen Tieres.

Dazu zählten zum Beispiel: Übermäßig lange oder zu kurze Zwischenkalbezeiten und Trockenzeiten, Verkälben, Zwillingsgeburten, Krankheiten. Der Einfluß des Alters wurde dadurch berücksichtigt, daß die ersten beiden Zwischenkalbezeiten nicht berücksichtigt wurden. Eine ganze Anzahl Kühe fiel auf diese Weise aus. Insgesamt waren 316 von den ursprünglich untersuchten 723 Tieren brauchbar.

Die Daten der übriggebliebenen Kühe wurden variationsstatistisch bearbeitet. Die Tiere wurden sechs Klassen von jeweils 1,3 kg Milchleistung zugeordnet (von 4,6 kg bis 12,4 kg). Die Anzahl der Tiere pro Klasse wurde mit der idealen Zahl verglichen, die nach der Binomialformel errechnet wurde. Die Verteilung der Tiere auf die einzelnen Klassen entsprach ziemlich genau der nach dem Zufallsgesetz zu erwartenden. Daraus schloß der Autor, daß die Population trotz ihrer geringen Größe für die Untersuchung brauchbar war.

Um den Erbgang der Milchergiebigkeit zu klären, stellte VON PATOW folgende Hypothese auf:

"Jede Kuh besitzt von ihren wilden Vorfahren her ein Gen, das in einem Autosom lokalisiert und in dem bestehenden homozygoten Zustand eine gewisse Grundmilchmenge bedingt. Dieses Gen heiße 0. 00 gebe, durchschnittlich 4,6 kg Milch je Tag."

"Weiter sei dann im Laufe der Haustierhaltung dieses Gen so verändert worden, und zwar mehrfach, daß es im homozygoten Zustand zunächst 7,2 kg, nach der zweiten Veränderung 9,8 kg und nach der dritten 12,4 kg täglichen Milchdurchschnittsertrag bedingt. Im heterozygoten Zustand soll das Gen die Leistung

nur um die Hälfte, d.h. um 1,3 kg steigern. Nennt man das einmal veränderte Gen 1 und die folgenden entsprechend 2 und 3, so kann ein Rind die folgenden Möglichkeiten besitzen:

0 : 0	=	0	=	4,6 kg Milchertrag	Klasse	0
0 : 1	=	1	=	5,9 kg Milchertrag	Klasse	1
0 : 2	}	= 2	=	7,2 kg Milchertrag	Klasse	2
1 : 1						
0 : 3	}	= 3	=	8,5 kg Milchertrag	Klasse	3
1 : 2						
1 : 3	}	= 4	=	9,8 kg Milchertrag	Klasse	4
2 : 2						
2 : 3	=	5	=	11,1 kg Milchertrag	Klasse	5
3 : 3	=	6	=	12,4 kg Milchertrag	Klasse	6

Ob in dem Autosom das eine ursprüngliche Gen 0 mutiert hat oder ein zweites, drittes und viertes gleichwertiges hinzugetreten ist, ist für den Erfolg gleichgültig. Legt man den obigen Erklärungsversuch zu Grunde, so würde es sich also um Polymere handeln. Die Heterozygoten wären intermediär."

Proben der oben gemachten Annahme wurden anhand von Stammbäumen der Kuhfamilien durchgeführt. Für jede Kuh wurde zunächst die Klassenzugehörigkeit bestimmt. Die so bestimmte Klassenzahl wurde bei jeder Kuh in den zugehörigen Stammbaum eingesetzt. "Dann wurde für die Tiere aus den Klassen 0, 1, 5 und 6 die "Erbformel" dahintergesetzt, die ja in diesen Klassen eindeutig ist (0:0 bzw. 0:1 bzw. 2:3 bzw. 3:3). Diejenigen aus den Klassen 0 und 6 haben gleichwertige Gene von Vater und Mutter. Hier ist also auch je ein Gen jedes Elter bekannt und damit auch das zweite gegeben, sobald die Leistungsklasse der Eltern feststeht. Bei den Tieren aus der Klasse 1 und 5 ergab einiges Probieren bald, welches Gen vom Vater und welches von der Mutter stammte. Bei Tieren aus den Klassen 2, 3 und 4 lagen je zwei Möglichkeiten der Erbformel vor (0:2 oder 1:1, 0:3 oder 1:2, 1:3 oder 2:2). Es gelang aber Schritt für Schritt unter ständigem Vergleichen der bisherigen Eintragungen vor-

wärts zu kommen. War erst einmal die Erbformel für einen Bullen mit großer Nachzucht bestimmt, so half dies sehr. 15 Tiere mußten sozusagen in der Erbformel korrigiert werden." Diese Fehlerzahl (4,43 %) war so gering, daß sie das Gesamtergebnis nicht wesentlich erschüttern konnte.

Insgesamt ließ sich die Erbformel für 410 Tiere aufstellen. Die Verteilung dieser Tiere auf die einzelnen Klassen paßte sich der Idealverteilung (nach Binomialformel errechnet) gut an. "Die Anzahl der Kühe in den Klassen 2 und 4 - 6 stimmte recht gut mit den Idealzahlen überein. In der Klasse 3 war ein Überschuß von 29 Tieren, in der Klasse 1 ein Manko von 22, in der Klasse 0 von drei Kühen.

Daraus schloß der Autor, daß die Milchleistung des Calberwischer Stalles nach den 50 Jahren etwas verbessert war. Das Material von 73 Kühen und 15 Bullen von Lochow war so gut, wie es ging, in derselben Weise wie das Calberwischer Material bearbeitet worden, und die VON PATOW'sche Hypothese ließ sich auch hier anwenden und brachte gute Ergebnisse.

Kreuzungsversuche zwischen "scrubs" (Kühe, die über längere Zeit nicht auf Milchleistung gezüchtet wurden und somit nur eine sehr geringe Milchleistung besitzen) und Rassebullen wurden von KILDEE, H. und M'CANDLISH, A. (1916) und M'CANDLISH, A. (1919) durchgeführt. Später stellte M'CANDLISH, A. (1925) fest, daß die Milchleistung der Töchter im Schnitt immer höher lag als bei den Müttern, daß man bei der Betrachtung einzelner Tiere aber durchaus auch Fälle findet, wo die Tochter eine geringere Milchleistung hat als die Mutter.

GRAVES, R.R. (1925) berichtete über einen Versuch des United States Department of Agriculture. Dabei wurden die amtlichen Milchkontrollergebnisse ausgewertet. Diese Studien ergaben, daß der Vater und die Mutter gleichmäßig an der Vererbung der Milchergiebigkeit beteiligt sind. Hohe Leistung ist dominant über niedrige. Individualpotente Bullen sind aller Wahrscheinlichkeit nach homozygot für dominante Faktoren, die hohe Leistung bedingen. Nichverwandte Bullen mit Individualpotenz innerhalb einer Zucht haben wahrscheinlich dieselben Faktorkombinationen.

CREW, F.A.E. (1925) beobachtete an der Kreuzung zwischen den Schweinerassen Large-Black X Berkshire die Mastdauer und die Nährstoffausnutzung in der F_1 -Generation. Dabei stellte er fest, daß die Mastdauer bei den F_1 -Tieren wesentlich kürzer war als bei den Large-Black und daß die F_1 -Tiere über eine bessere Futterverwertung verfügten als die Large-Black.

WRIEDT, C. (1926) untersuchte erbliche Unterschiede zwischen Schrittpferd und Lauffferd. Verglichen wurde die Brusttiefe und der Rörhrbeinumfang von ostpreußischen Landstuten und Kreuzungsstuten, die von diesen und nach Hengsten der Schrittpferderasse gefallen sind. (LANDMANN, A.1914), mit den Maßen von belgischen Stuten (VON NATHUSIUS, S. 1908).

Die Werte der Brusttiefe der Ausgangsrassen, der F_1 -Tiere und der Rückkreuzungstiere (F_1 X belgische Stuten) sind in der folgenden Abbildung 3 zusammengefaßt:

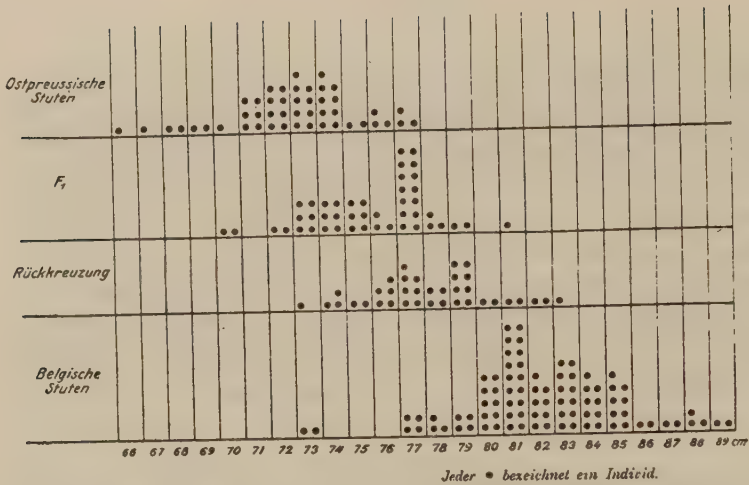


Abb. 3

Brusttiefe in cm von ostpreußischen Stuten, F₁- Stuten, Rückkreuzungsstuten und belgischen Stuten.

Die beiden belgischen Stuten mit einer Brusttiefe von nur 73 cm wertete der Autor entweder als Ausspaltung oder durch schlechte Ernährungsverhältnisse während des Wachstums bedingt und klammerte sie deshalb aus.

In die Klasse 77 cm fielen die drei tiefsten ostpreußischen Stuten und die vier am wenigsten tiefen belgischen Stuten, was auf den großen Unterschied zwischen den beiden Rassen hinweist. In der F₁-Generation findet man 14 Stuten der Klasse 77 cm und sechs in höheren Klassen. Bei der Rückkreuzung sind unter den 37 Stuten 11 Stuten, die eine Brusttiefe unter 77 cm haben.

Folgende Abbildung 4 zeigt die Brusttiefe in Prozent der Widerristhöhe:

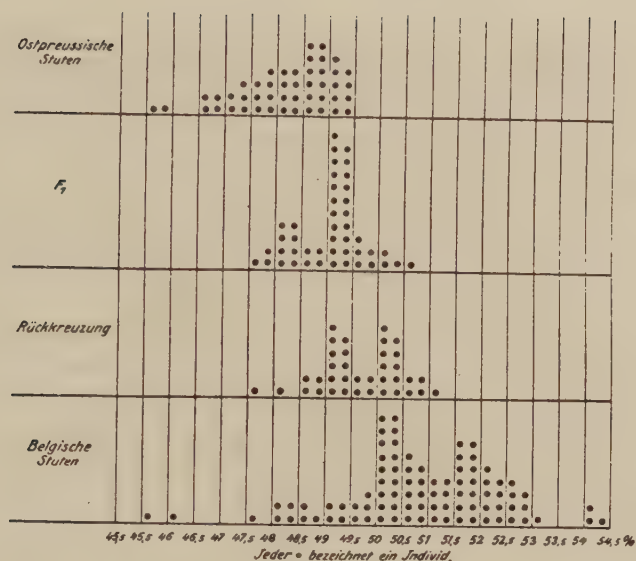


Abb. 4

Die Brusttiefe in Prozent der Widerristhöhe von ostpreußischen Stuten, F₁-Stuten, Rückkreuzungsstuten und belgischen Stuten.

Von 45 F₁-Stuten fielen nicht weniger als 21 in die Klasse 49 - 49,5 %. Dies scheint -lt.Autor- darauf hinzudeuten, "daß diese Klasse die Heterozygoten zwischen den tiefen Schrittpferden und den hochbeinigen Laufpferden repräsentiert." Betrachtet man sämtliche 16 Stuten der Rückkreuzung mit einem Brusttiefenprozentsatz von über 50 % als ausgespaltene Individuen mit den Vererbungsfaktoren für Brusttiefe, die sich bei den Belgiern vorfinden, so deutet dies nach WRIEDT darauf hin, "daß der Unterschied zwischen der Brusttiefe bei den Rassen auf ganz wenigen Hauptfaktoren beruht."

Den Röhrebeinumfang der Ausgangsrassen, der F_1 -Tiere und der Rückkreuzung (F_1 X Belgische Stuten) zeigt die folgende Abbildung 5:

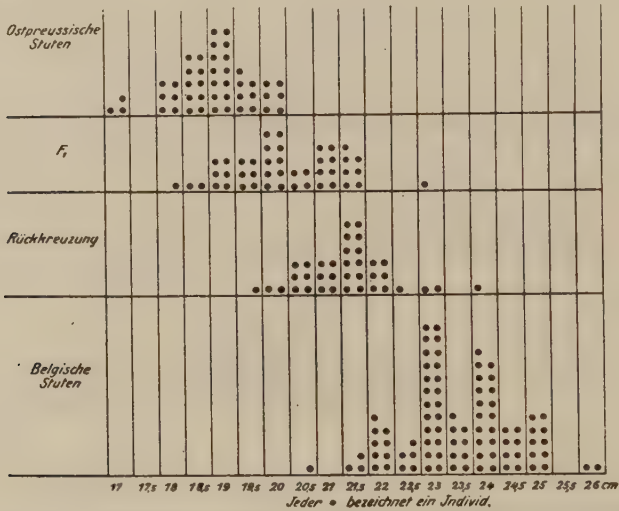


Abb. 5

Der Röhrebeinumfang in cm von ostpreußischen Stuten, F_1 -Stuten, Rückkreuzungsstuten und belgischen Stuten.

Unter den 37 Rückkreuzungen waren zehn Stuten mit einem Röhrebeinumfang von über 22 cm. Diese fallen in die Variationsbreite der belgischen Pferde. Auch diese Daten deuten -lt.WRIEDT- darauf hin, "daß der Unterschied in bezug auf das Merkmal Röhrebeinumfang zwischen Schritt- und Laufpferd auf verhältnismäßig wenigen Vererbungsfaktoren beruht."

In derselben Veröffentlichung interpretierte WRIEDT auch die Versuchsergebnisse von RITZMANN, E.G. (1923). Nach seiner Meinung sollte die verhältnismäßig schmale Brust der Rambouillets ein einfach bedingtes Merkmal darstellen, das sich gegenüber der breiten Brust der Southdownschafe dominant verhält.

DECHAMBRE, P. (1926) kam bezüglich der Vererbung der Kopfform beim Schwein zum selben Ergebnis wie SIMPSON, Q.J. und SIMPSON, J.P. (1909). Der lange Kopf dominiert über den kurzen Kopf. Bei der Ohrstellung fand er vollständige Dominanz der Stehohren. Bei der Rumpflänge wurde von ihm ein intermediärer Erbgang, teilweise aber auch eine verhältnismäßig große Länge der Kreuzungstiere beobachtet.

CULBERTSON, C.C. und EVVARD, J.M. (1926) stellten bei der von ihnen durchgeführten Kreuzung Wildeber X Poland-China-Sauen fest, daß in der F_1 -Generation der Gesamtfutterverzehr je 100 kg Gewichtszunahme größer war als bei den reinrassigen Poland-China-Schweinen. Zudem hatten die F_1 -Tiere eine längere Mastdauer und eine geringere tägliche Gewichtszunahme als die Poland-China-Rasse. Bei der Kreuzung Poland-China-Sauen mit Duroc-Jersey-Ebern, die EVVARD (1926) durchführte, war nun die Mastdauer bei den F_1 -Tieren kürzer und die Futterverwertung besser als bei den reinrassigen Poland-Chinas.

DAVENPORT, C.B. und RITZMANN, E.G. (1926) untersuchten die Vererbung von Wolligenschaften an Kreuzungen zwischen Rambouillet-, Southdown-, Oxford- und Hampshire-Schafen. Dabei gingen sie vor allem auf die Haarlänge, Haarfeinheit, Haarform und das Vliesgewicht ein. In der F_1 -Generation fanden sie je nach Merkmal und Kreuzung teilweise dominante, teilweise intermediäre Vererbung. Anhand der Aufspaltung in höheren Generationen erkannten sie, daß die untersuchten Merkmale wahrscheinlich polymer bedingt sind. Die Untersuchung wurde durch Selektion, die am Untersuchungsmaterial durchgeführt wurde, erheblich erschwert.

ULMANSKY, S. (1926) hat bei Cigayaschafen das Verhalten der Wollfeinheit bei den Nachkommen von Tieren verschiedener durchschnittlicher Wollstärke beobachtet. Dabei fand er bei den Nachkommen Werte, die zwischen den Werten der Eltern lagen.

Dabei stand in 38 Fällen die Wollfeinheit der des Vaters näher, in 44 Fällen der der Mutter näher und in 25 Fällen intermediär zwischen den Eltern. In 41 Fällen näherte sich die Wollstärke der Nachkommen mehr dem Elter mit der feinen Wolle an und ebenfalls in 41 Fällen dem Elter mit der groben Wolle.

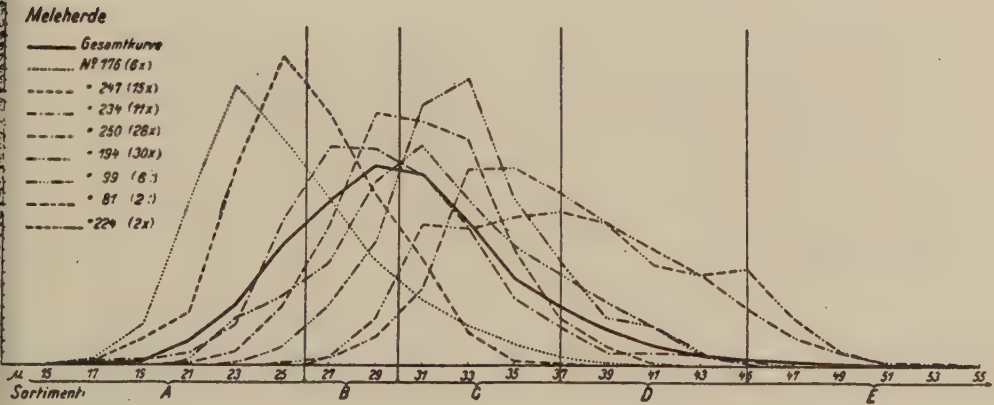
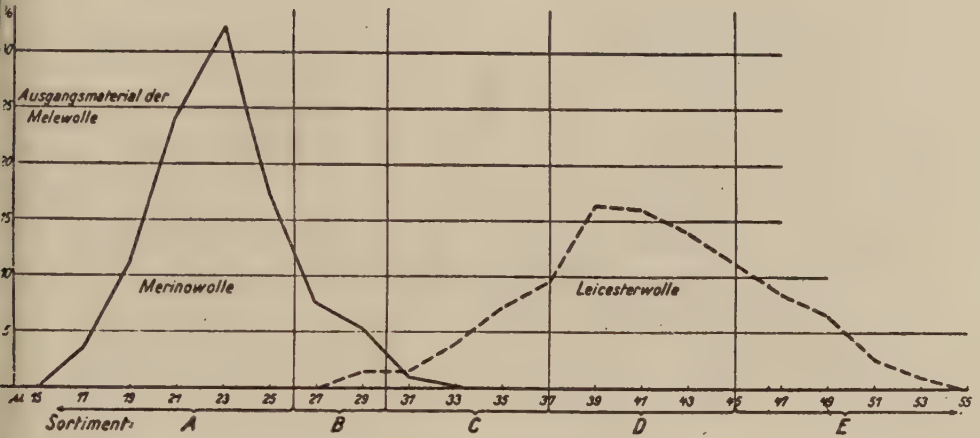
KRONACHER, C. und SCHÄPER, W. (1926) untersuchten 270 Schafe einer Meleherde (Kreuzung Merino X Leicester) auf die Vererbung der Wollfeinheit. Etwa 500 Haare von drei verschiedenen Körperstellen pro Tier wurden mittels der Wollquerschnittsprojektion untersucht. Die Proben wurden in 2 μ -Dickenklassen eingeteilt und in graphischer Form dargestellt (Abb.6). Bei den F_1 -Tieren wurden neben der Gesamtkurve aller F_1 -Bastarde auch die Kurven der einzelnen Tiere eingezeichnet.

Die Streuungsbreite der F_1 -Meleproben reichte von 14 bis 56 μ , also sogar noch über die bei den benutzten Ursprungsrassen festgestellten Variationsgrenzen hinaus. Während die Kurve der untersuchten Gesamtpopulation der F_1 -Tiere, von ca. 100 Tieren, ein intermediäres Bild zeigt, veranschaulichen die Einzelkurven, die variationsstatistisch und züchterisch für die Beurteilung der Einzelindividuen von Bedeutung sind, deutlich das heterogene Material, aus dem die Gesamtkurve zusammengesetzt ist. Bei vorwiegend intermediärem Verhalten der Haarfeinheit ließen sich somit doch deutliche Ausspaltungen nach der feinen und groben Seite feststellen.

Zusammenfassend stellten die Autoren folgendes Ergebnis fest:

Nach der in Erscheinung tretenden Aufspaltung besteht kein Zweifel am mendelnden Verhalten der Erbanlage dieser Eigenschaft. "Die Vielfältigkeit und Ausgedehntheit der Spaltung bzw. Kombinationen mit dem Hauptteil der Varianten, in mittlerer Ausbildung, wies auf eine polymere bzw. homomere Bedingtheit des Merkmals durch verhältnismäßig zahlreiche Faktoren hin." Über die Anzahl der Faktoren konnten keine Angaben gemacht werden, da keine weiteren Generationen planmäßig gezogen wurden und auch keine Rückkreuzungen durchgeführt wurden. Mittels dieser Arbeit wiesen die Autoren zudem nach, daß es sich bei der Vererbung der Wollfeinheit nicht um konstant intermediäre Vererbung handelt.

Abb. 6 Wollfeinheit der Ausgangsrassen und der F_1 -Tiere



Vererbungsstudien in einer Kreuzungsherde aus Merinofleischschaf X Württemberger Landschaf stellte SCHOLZ, W. (1927) an. Bezüglich der Wolllänge fand er für die Merinoschafe eine Durchschnittslänge von 49,50 mm, für die Württemberger 77,00 mm und für die F_1 -Tiere 66,04 mm. Die Wolllänge der F_1 -Generation war intermediär, mit Annäherung an die größere Länge des Württemberger Landschafes. Die in der F_1 -Generation auftretende große Variabilität wies -lt.Scholz- auf die Beteiligung mehrerer Faktoren bei der Vererbung der Wolllänge hin. Bei der Rückkreuzung zwischen F_1 -Tieren und Böcken des Württemberger Landschafes trat eine Steigerung der Wolllänge auf, wobei teilweise die Wolllänge der Württemberger Böcke übertroffen wurde. Auch in bezug auf die Wollfeinheit lag intermediäres Verhalten der F_1 -Kreuzungstiere vor. Bei der Rückkreuzung zwischen F_1 -Tieren und Württemberger Böcken fand erneut intermediäre Vererbung statt, d.h. die Wollfeinheit näherte sich noch mehr dem Württemberger Landschaf an.

OGRIZEK, A. (1927) versuchte, die Vererbung der Feinheit, Tragkraft und Dehnbarkeit des Wollhaares der Cigaya-Schafrasse in der F_1 -Generation zu bestimmen.

Die Feinheit der Wolle wurde an den Schulterproben von zwölf miteinander verwandten Schafen mittels Wollquerschnittsprojektion und Lufttrockenmessung bestimmt (KRONACHER, u.a. 1925). Die Werte der Wollquerschnitte wurden in 2 μ -Dickenklassen eingeteilt, und die Haardickenkurve der F_1 -Tiere und ihrer Eltern wurde graphisch dargestellt. (Abb. 7). Die Kurven zeigen, daß die F_1 -Tiere intermediär zwischen den Eltern lagen.

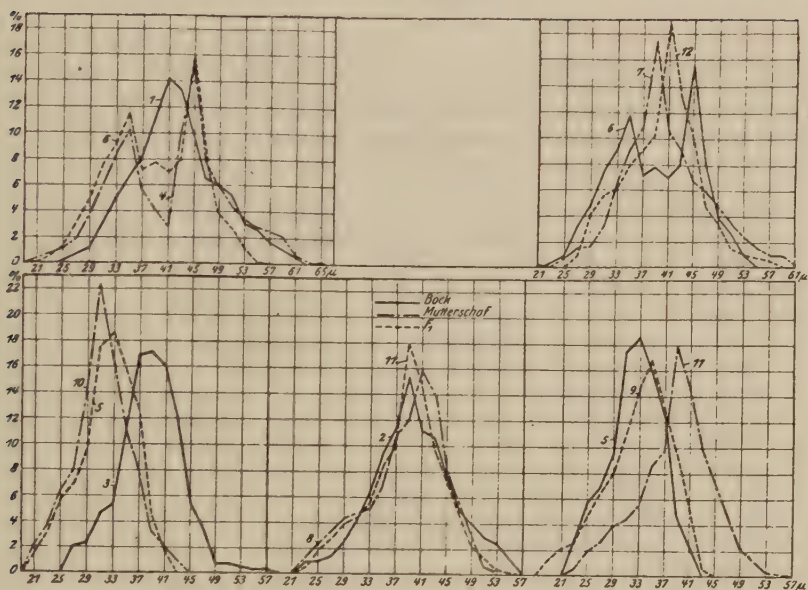


Abb. 7

Haardickenkurven

Die Zahlen an den Kurven geben die Nummern des untersuchten Schafes an.

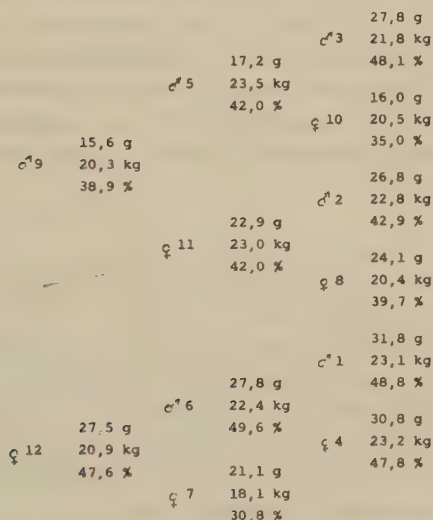
Anhand der Verwandtschaftsverhältnisse der Schafe ist aus folgender Abbildung 8 die Vererbung der unterschiedlichen Anteile an den einzelnen Wollklassen-Sortimenten ersichtlich:

Sortimente:

- A: 15 - 25 μ
- B: 27 - 29 μ
- C: 31 - 37 μ
- D: 39 - 45 μ
- E: 47 - 59 μ

Die Tragkraft des Wollhaares wurde am Defordenapparat bestimmt. Aus den Verwandtschaftsverhältnissen der untersuchten Tiere sind aus folgender Abbildung 9 die Vererbung der Tragkraft ersichtlich. Dabei sind die absolute Tragkraft in Gramm, die relative Tragkraft in Kilogramm und die Dehnungsfähigkeit in Prozent zur Haarlänge dargestellt.

Abb. 9 Vererbung der Tragkraft



"Die absolute Tragkraft" verhielt sich "in der F_1 -Generation ebenso wie die Wollfeinheit, was mit Rücksicht auf die hohe positive Korrelation zwischen diesen beiden Eigenschaften erklärlich erscheint. Auch hier liegen die Gramm-Werte der F_1 -Produkte einmal in der Mitte zwischen den Werten beider Eltern, ein anderes Mal näherten sie sich den Werten des Vater- oder Muttertieres."

Über die Vererbung der Dehnungsfähigkeit waren sowohl wegen der großen Variationsbreite als auch wegen des zu geringen Untersuchungsmaterials keine sicheren Schlüsse möglich. Ein intermediäres Verhalten war nicht zu erkennen.

Um die Vererbung der Korrelationen zwischen verschiedenen physikalischen Eigenschaften der Wolle in der F_1 -Generation zu verfolgen, wurden die Korrelationskoeffizienten folgender Merkmale berechnet: Durchmesser-Tragkraft, Tragkraft-Dehnung, Durchmesser-Dehnung, relativer Tragkraft-Durchmesser und relative Tragkraft-Dehnung. Da die errechneten Korrelationskoeffizienten jedoch beträchtliche Schwankungen aufwiesen, konnten aus ihrem Verhalten bei der Vererbung keine Schlüsse gezogen werden. Dem Autor nach waren diese Schwankungen auf das zu geringe Untersuchungsmaterial, auf zufällige Zahlenkorrelationen oder auch auf Meßfehler zurückzuführen.

KOPEC, S. (1927) kreuzte die Hühnerrassen Leghorn X Orpington und reziprok, um die Vererbung von Körperdimensionen und der Körpergröße beim Haushuhn aufzuklären.

Das Material bestand aus neun Leghorn- und neun Orpingtonhennen, je einen Leghorn- und Orpingtonhahn, neun Hennen und sieben Hähnen der F_1 -Generation sowie 36 Hennen und 19 Hähnen der F_2 -Generation der Kreuzung Leghorn wbl. X Orpington mnl. und schließlich sieben weiblichen F_1 -Bastarden der reziproken Kreuzung. Die Vererbung folgender Merkmale wurde untersucht: Länge des Brustbeinkammes, Rumpftiefe, Rumpfbreite, Unterschenkel-länge, Lauflänge, Länge der längsten Steuerfeder, Körpergewicht und Gefiedergewicht. Um die Proportionen der Körperform zu bestimmen, wurde zudem das Verhältnis zwischen verschiedenen Körpermerkmalen berechnet ("Körperformindices") und die Vererbung dieser Indices beobachtet. Folgende Körperformindices wurden untersucht:

i_1 Rumpfbreite: Rumpftiefe, i_2 Rumpftiefe: Brustbeinkammlänge, i_3 Rumpfbreite: Brustbeinkammlänge, i_4 Rumpftiefe: Länge der längsten Steuerfeder, i_5 Brustbeinkammlänge: Länge der längsten Steuerfeder, i_6 Unterschenkel-länge + Lauflänge: Brustbeinkammlänge und Steuerfederlänge, i_7 Gefiedergewicht: Rumpftiefe + Rumpfbreite, i_8 Länge der längsten Steuerfeder: Gefiedergewicht.

1. Kreuzung: Leghorn wbl. X Orpington mnl.

I. Die Hennen der F_1 - und F_2 -Generation.

Das Körpergewicht, das Gefiedergewicht und die längste Steuerfeder verhielten sich intermediär in der F_1 -Generation. Die Körperdimensionen zeigten deutliche Dominanz der einen oder der anderen Elternrasse. In der Brustbeinkammlänge und in der Rumpfbreite dominierte der Leghorntyp, in der Rumpftiefe, Unterschenkel- und Lauflänge der Orpingtontyp. Die Variabilität aller untersuchten Merkmale übertraf in der F_2 -Generation die der F_1 -Generation.

Folgende Körperformindices nahmen in der F_1 -Generation eine intermediäre Stellung ein: i_4 , i_5 , i_7 , i_8 . Dominanz der Leghornrasse lag bei i_1 und i_3 vor, Dominanz der Orpingtonrasse bei i_2 und i_6 . Die Variabilität der Indices war in der F_2 -Generation ebenfalls stets größer als in der F_1 -Generation.

Allgemein fand KOPEC, "daß die Vögel der ersten Bastard-generation eine quantitativ und qualitativ ungemein bunte Mischung der beiden Elternrassen darstellten."

In der F_2 -Generation war diese Vielfalt noch viel größer, wobei aber keine einzige Henne ihrer ganzen Körperform nach dem Leghorn- oder Orpingtontyp entsprach was -lt. Autor- in der geringen Anzahl der F_2 -Vögel seine Erklärung findet.

II. Die Hähne der F_1 - und F_2 -Generation

Bezüglich des Körper- und des Gefiedergewichtes und der Länge der Steuerfeder verhielten sich die Hähne in der F_1 -Generation, wie die Hennen, intermediär. Bei der Brustbeinkammlänge dominierte, wie bei den Hennen, der Leghorntyp. Während bei den F_1 -Hennen in der Rumpfbreite der für Leghorn charakteristische Mittelwert, in der Rumpftiefe derjenige für Orpington dominant war, verhielten sich dieselben Körpermerkmale bei den F_1 -Hähnen umgekehrt. Die Mittelwerte der Unterschenkel- und Lauflänge bei den weiblichen F_1 -Vögeln entsprachen dem Orpingtontyp, während sich diese Merkmale bei den F_1 -Hähnen intermediär verhielten. Die Variationsbreiten der untersuchten Merkmale waren in der F_2 -Generation auch bei den Hähnen stets größer als in der F_1 -Generation, ebenso die Variationskoeffizienten.

Bei der Vererbung der Körperformindices der männlichen F_1 -Tiere lag bei i_7 Dominanz des Leghornstyps vor, bei i_1, i_2, i_3 und i_6 Dominanz des Orpingtonstyps, i_4, i_5 und i_8 waren intermediär. Der Sachverhalt war also auch in dieser Richtung keineswegs dem bei F_1 -Hennen festgestellten ganz analog, da mehrere Indices sich bei beiden Geschlechtern verschieden verhielten. In der F_2 -Generation variierten auch die Körperformindices in der Regel stärker als in der F_1 -Generation (Ausnahme i_2).

2. Kreuzung: Orpington wbl. X Leghorn mnl.

Aus dem Vergleich der entsprechenden Daten ergab sich, daß in den beiden Kreuzungen die Vererbung der Gewichte, Körperdimensionen und der Körperformindices bei weitem nicht gleich waren (Tab. 5 und 6).

Tabelle 5

Zusammenstellung des Verhaltens der Körper- und Gefiedergewichte und der Körperdimensionen in den F_1 -Generationen.

Kreuzung	Geschlecht	Körpergewicht	Gefiedergewicht	Brustbeinkammlänge	Rumpftiefe	Rumpfbreite	Unterschenkel-länge	Lauf-länge	Länge der längsten Steuerfeder
♀ Legh.	wbl.	I	I	L	O	L	O	O	I
X ♂ Orp.	mnl.	I(?)	I(?)	L	L	O	I(?)	I	I(?)
♀ Orp.	wbl.	L(?)	I(?)	L	I	I	O	I	I(?)
X ♂ Legh.									

L = Dominanz der Leghornen, O = Dominanz der Orpingtonen
I = Intermediäres Verhalten.

Tabelle 6

Zusammenstellung des Verhaltens der Körperformindices in den F_1 -Generationen.

Kreuzung	Geschlecht	i_1	i_2	i_3	i_4	i_5	i_6	i_7	i_8
♀ Legh.	wbl.	L	O	L	I	I	O	I	I
X ♂ Orp.	mnl.	O	O	O	I	I	O	L	I
♀ Orp.	wbl.	I	O	I	I	L(?)	I	L	I
X ♂ Legh.									

L = Dominanz der Leghornen, O = Dominanz der Orpingtonen,
I = Intermediäres Verhalten.

Zusammenfassend stellte der Autor die folgenden Resultate fest:

In der Untersuchung waren die Variationskoeffizienten in der F_2 -Generation größer als in der F_1 -Generation, mit einer einzigen Ausnahme, der Rumpftiefe in Prozent der Brustbeinkammlänge (i_2) bei den Hähnen. Von den 25 diesbezüglichen Koeffizienzdifferenzen hatte lediglich in fünf Fällen die Differenz ihren wahrscheinlichen Fehler nicht übertroffen. Diese Variationszunahme deutete auf eine Spaltung aller untersuchten Merkmale und Indices hin. Die untersuchten Körperdimensionen vererbten sich teilweise unabhängig voneinander (z.B. ließ sich bei F_1 -Hennen der Paarung Leghorn wbl. X Orpington mnl. in der Brustbeinkammlänge und der Rumpfbreite eine deutliche Dominanz der kleineren Elternrasse, in der Rumpftiefe, Unterschenkel- und Lauf-länge Dominanz der größeren Rasse beobachten).

Die Vererbungsweise eines Merkmals oder eines Körperform-index differierte je nach dem Geschlecht der F_1 -Vögel oder je nach der als Muttertier benutzten Rasse. Bei der Gesamtkörperform der F_1 -Tiere fiel auf, daß bei ein und demselben Individuum manche Merkmale dem Leghornotyp, andere dem Orpingtontyp entsprachen. Ein so verschiedenartiges Verhalten einzelner Merkmale läßt darauf schließen, daß neben den Genen, die für die Erklärung der Größendifferenz zwischen größeren und kleineren Rassen postuliert sind und somit die Gesamtgröße des Körpers beeinflussen, auch spezifische, selbständige Erbfaktoren vorhanden sind, die auf die Größe bestimmter Körperteile verschiedenartig und voneinander unabhängig wirken.

MIDDELDORF, P. (1928) beschäftigte sich mit dem Verhalten der Karakullocke bei der Kreuzung ostfriesisches Milchschaf X Karakul. Dabei fand er bei den F_1 -Lämmern alle Übergänge von losen Querwellen bis zu Vliesen von gutem Karakulcharakter, bei den erwachsenen F_1 -Tieren lag jedoch eine starke Annäherung an die Mischwolle der Karakuls vor.

Bei der Kreuzung (Karakul $\times F_1$) $\times$ (Karakul $\times F_1$) beobachtete der Autor folgende Aufspaltung:

Sieben Lämmer des Karakultyps und zwei Lämmer, deren Vlies eine starke Annäherung an das ostfriesische Milchschaft zeigte. Aber bei der Rückkreuzung von F_1 -Tieren mit dem ostfriesischen Milchschaft fand MIDDELDORF eine Annäherung des Vliescharakters an das ostfriesische Milchschaft. Bei der Kreuzung ($F_1 \times$ Karakul) $\times$ ($F_1 \times$ ostfriesisches Milchschaft) lag ebenfalls eine Aufspaltung in Richtung Milchschaft vor. Eine genaue genetische Deutung dieser Ergebnisse gab der Autor nicht.

PEASE, M.S. (1928) arbeitete bei seinen Experimenten mit Kaninchen mit der Kreuzung Polish wbl. $\times$ Flemish mnl. Die F_1 -Tiere waren intermediär. Das Durchschnittsgewicht der F_2 -Tiere war ähnlich dem der F_1 -Generation, aber in der F_2 -Generation lag eine größere Variation der Körpergewichte vor. Es fiel auf, daß das Gewicht der schweren Flemish erreicht wurde, nicht aber das der leichten Polish (partielle Dominanz der schweren Rasse). Die Gewichte der aus leichten F_2 -Tieren gezogenen F_3 -Generation lag im Bereich der Polish-Gewichte. In den einzelnen Familien der F_2 -Generation fand der Autor eine zweigipfelige Verteilung der Gewichte. Diese Diskontinuität und die vergrößerte Variation in der F_2 -Generation kann durch das Vorherrschen eines dominanten Gewichtsfaktors nicht erklärt werden. Offen ließ der Autor die Frage, ob es sich bei der Gewichtsvererbung um einen dominanten Faktor mit mehreren modifizierenden Faktoren oder um mehrere gleich starke Hauptfaktoren handelt. Die Rückkreuzung der F_1 -Tiere mit der leichten Rasse Polish ergab Individuen mit leichtem Gewicht. Bei Weiterkreuzung dieser Tiere trat immer wieder das geringe Gewicht auf. Kreuzte man aber die schwersten Tiere, so wurden die Nachkommen nicht so schwer wie ihre Eltern, sondern fielen immer wieder in Richtung Mittelwert zurück.

KIRSCH, W. (1929) verglich die Wollfeinheit und die Körperform einiger F_1 -Bastarde aus Kreuzungen von Original-Skudden (mischwollige ostpreußische Landschaften) mit Merinofleischschafen und Württembergischen Landschaften mit ihren Eltern.

Bei der Kreuzung Merino X Skudde stellte KIRSCH folgendes fest: "Es hat sich also in bezug auf die Wollfeinheit die Merinowolle dominant über die Mischwolle der Skudden erwiesen, bei nur geringer Erweiterung der Variationsbreite des gesamten Vlieses." Die Vliesbeschaffenheit der Bastarde war aber doch gegenüber der Beschaffenheit des Merinovlieses dahingehend verändert, daß es lockerer war bei gleichzeitiger Vergrößerung der Stapeltiefe. Die F_1 -Tiere hatten zudem ein größeres Rendement als die Merinos aufzuweisen.

Bei den F_1 -Tieren der Kreuzung Württembergisches Landschaft X Skudde zeigte sich eine erhebliche Aufspaltung der Wollfeinheit. "Neben Tieren mit sehr feinen, ausgeglichenen (merinoartigen) Vliesen treten mischwollige Tiere auf (Skuddenvlies) nebst den Zwischenstufen." Das Rendement stieg ziemlich gleichmäßig mit dem Anstieg der Variationsbreite an.

Hinsichtlich der Körperform fand der Autor folgendes:

Bei den F_1 -Tieren der Kreuzung Württembergisches Landschaft X Skudde trat die Körperform der Württembergischen Landschaft auf. Bei den F_1 -Tieren der Kreuzung Merino X Skudde dominierte der relativ lange Rumpf bei geringer Brustbreite, aber großer Brusttiefe, die ausgesprochen lange Mittelhand und die geringe Widerristhöhe der Skudden. Dagegen waren die Ohren typische Merinoohren (kurz, breit und stark abgerundet).

TEODOREANU, N. (1929) und (1932) führte in Rumänien Rassekreuzungen mit verschiedenen Schweinerassen durch und fand bei der Vererbung der einzelnen Körperformen folgende Ergebnisse: Intermediäre Vererbung der Kopfform mit Hinneigen zum Landschweinetyt. Ebenso intermediäre Vererbung hinsichtlich der Ohrform, der Ohrgröße und der Ohrstellung, der Beinlänge, der Rumpflänge und der Gesamtkörperform.

In der Tabelle 7 fällt der stufenförmige Abfall von links oben nach rechts unten auf. Jede Milchklasse umfaßt meist drei Fettklassen von denen die zwei niedrigeren mit der nächstniedrigen Milchklasse zusammenfallen, die zwei höheren mit der nächsthöheren Milchklasse. Die nachstliegende Erklärung ist, daß die Fettmenge stärker variiert als die Milchmenge.

VON PATOW stellte folgende Hypothese auf:

"Die Faktoren, die die Milchleistung um je eine Klasse steigern, steigern auch die Fettmenge jeweils um eine Klasse wie ein Blick auf die Korrelationstabelle (Tab. 7) zeigt. Die Fettmenge, die mit der Milchmenge einer bestimmten Milchklasse verbunden sein kann, umfaßt aber noch zwei höhere Fettklassen. Also muß es besondere Faktoren geben, die die Fähigkeit des Euters bzw. seiner Drüsenzellen, Fett zu bilden, unabhängig von der Fähigkeit der Milchbildung steigern."

"Diese Beobachtungen ließen sich durch die Annahme eines einfachen derartigen Faktorenpaares erklären. Dieser Faktor befähigt in einfacher Dosis das Euter, bei gleichbleibender Milchmenge eine Fettmenge zu liefern, die der nächsthöheren Kombination der die Milchmenge steigernden Faktoren entspricht. In doppelter Dosis steigert er die Fettmenge entsprechend noch einmal."

Die individuelle Erbanalyse, die in genau derselben Weise wie bei der Milchmenge durchgeführt wurde, bestätigte bei sieben untersuchten Herden die Richtigkeit dieser Annahme. Nur in einer Ayrshireherde bot die Erbanalyse nach obigem Muster Schwierigkeiten. VON PATOW meinte, daß in dieser Herde der besondere Fettfaktor eine größere Steigerung der Fettmenge bewirke, als die jeweils nächsthöhere und zweithöhere Milchklasse bedingt. Diese Annahme ergab bei der individuellen Erbanalyse dieser Herde keine Widersprüche. "Der fettsteigernde Faktor hat also bei der Ayrshireherde eine stärkere Wirkung auf die Steigerung der Fettmenge gegenüber der bereits durch die MilCHFaktoren bedingten, als in den anderen Herden."

KRONACHER, C. (1930) besprach in Fortsetzung seiner bereits 1924 veröffentlichten Arbeit verschiedene Rassenkreuzungen beim Schwein.

In eine auf Waldweide gehaltene Herde veredelter Landschweine brach ein Wildschweineber ein und deckte mit Erfolg sechs Sauen. Fünf der gefallenen Würfe konnte der Autor in der Folgezeit beobachten.

Die Gesamtkopfbildung, besonders die Länge des Kopfes, und die Länge, Breite und Stellung der Ohrmuschel war in der F_1 -Generation stets intermediär und polymer bedingt.

Auf Polymerie wies auch das Auftreten der verschiedensten Zwischenformen in der F_2 -Generation, durch Aufspaltung der Erbanlagen bedingt, hin.

Die Rumpfbildung (Rippenwölbung, Rückenkrümmung, Körperlänge), mit Ausnahme des Beckens, war in der F_1 -Generation intermediär. und vermutlich polymer bedingt. Auffallend war allerdings die stark betonte Brusttiefe der erwachsenen F_1 -Eber die -lt.Autor- wahrscheinlich dominant vererbt wurde. Das Becken erschien gesondert vererbt. Das schräge Becken war offenbar dominant über das horizontal gelagerte Becken. Die Annahme, daß Polymerie vorlag wurde durch die in der F_2 -Generation beobachtete Aufspaltung bezüglich Rumpfbildung, Beckenform und Beckenlage bestätigt. Beim Längenwachstum der Beinknochen lag intermediäres Verhalten in der F_1 -Generation vor, und zwar polymer bedingt, aber mit einer geringen Anzahl beteiligter Faktoren. Denn der Autor fand in der F_2 -Generation bei diesem Merkmal wiederholt die Abspaltung der Ausgangsrassen, und zwar in Verbindung mit nicht dazu passenden Rumpfformen.

Entwicklungsfreudigkeit und Wüchsigkeit zeigten die verschiedensten Abstufungen. Diese Eigenschaften sind offensichtlich stark polymer bedingt, wie die Aufspaltung in der F_2 -Generation deutlich erkennen ließ. Geringe Wüchsigkeit schien dabei mit der mehr oder minder deutlichen Ausbildung der Wildschweinform verbunden zu sein.

Die Trächtigkeitsdauer der F_1 -Sauen war um vier bis fünf Tage länger als die durchschnittliche Tragezeit beim Hausschwein. Hier schien die von der Wildform stammende Eigenschaft zu dominieren.

Kreuzung: Berkshire X deutsches Edelschwein

Die Kopf-, Ohr- und Rumpfform verhielt sich auch bei dieser Kreuzung in der F_1 -Generation intermediär und war -lt.Autor-polymer bedingt. Die Ohrform zeigte in der F_1 -Generation zwar meist intermediäres Verhalten, aber ein deutliches Herausspalten der Ohrformen beider Ausgangsrassen in der F_2 -Generation. Ebenso traten auch in der F_2 -Generation die Kopf- und Gesamtrumpfformen der beiden Ausgangsrassen auf.

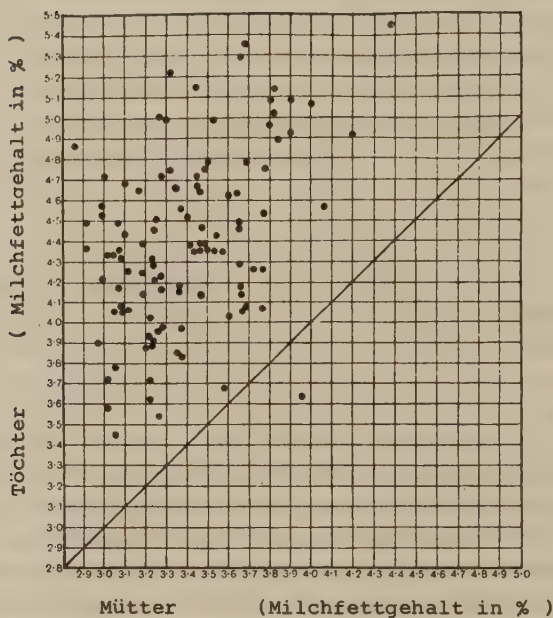
WRIEDT, C. (1930) arbeitete an der Vererbung des Milchfettgehaltes bei der Kreuzung zwischen den Rassen Jersey und Rotes Dänisches Rind.

Als Material stand eine Kreuzungsherde von insgesamt 1175 Tieren zur Verfügung.

Als Basis für die Untersuchung wurde der durchschnittliche Fettgehalt vom dritten bis zum sechsten Monat der Laktation gewählt. Zwei äußere Faktoren, das Alter der Kühe und die Tatsache, ob der Monat Mai in den dritten bis sechsten Laktationsmonat fällt, wurden vom Autor näher untersucht. Er fand den Einfluß dieser Faktoren so gering, daß er auf Korrekturen verzichtete.

108 Rote Dänen des Versuches hatten einen durchschnittlichen Milchfettgehalt von 3,40 % mit einer Variation von 2,8 % bis 4,4 % (Variationskoeffizient: $8,92 \pm 0,61$). Der theoretische Milchfettgehalt der Jersey-Bullen wurde aus der Leistung ihrer reinrassigen Jersey-Töchter berechnet und betrug 5,57 % mit einer Variation von 4,7 % bis 6,6 % (Variationskoeffizient: $7,46 \pm 0,68$). 108 F_1 -Tiere hatten einen durchschnittlichen Milchfettgehalt von 4,39 % mit einer Variation von 3,4 % bis 5,5 % (Variationskoeffizient $9,72 \pm 0,66$).

Abb. 10 Milchfettgehalt der F_1 -Kühe im Vergleich mit ihren Müttern.



Die Abbildung 10 zeigt, daß nur eine Tochter unter der Mütterleistung lag. Die Differenz, mit der die Töchter die Mütter übertrafen, variiert zwischen 0,3 und 2,0 % Fettgehalt. Diese Variation war durch Umwelteinflüsse bedingt. Sie konnte aber auch durch unterschiedliche Vererbungskraft der einzelnen Bullen bedingt sein. Diese Möglichkeit wurde vom Autor untersucht, und er konnte eine besondere Vererbungsqualität eines Bullen nicht feststellen.

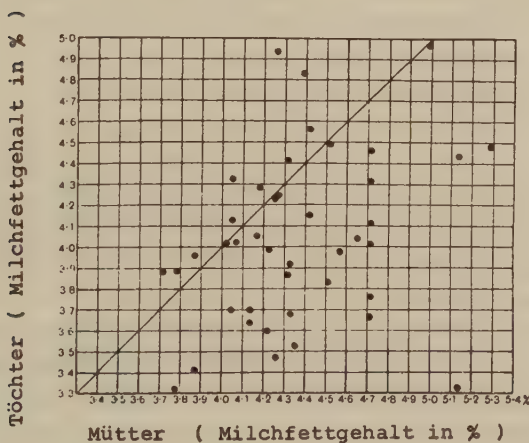
WRIEDT fragte, ob einer oder mehrere genetische Faktoren für hohe Milchfettleistung, die beim Jersey-Rind vorliegen, sich unterschiedlich verhalten, wenn sie mit Faktoren für geringe oder relativ hohe Milchfettleistung der Roten Dänen kombiniert werden. Dazu verglich der die Korrelationskoeffizienten zwischen

F_1 -Töchtern und ihren Müttern der vorliegenden Kreuzung mit denen bei reinen Rassen. Er fand dabei keine wesentlichen Unterschiede. Zudem verglich er die F_1 -Kühe der Kreuzung mit ihren reinrassigen Rote Dänen-Schwestern der mütterlichen Seite. Der Unterschied im Milchfettgehalt der F_1 -Tiere und den Roten Dänen-Halbschwestern ist ebenso groß wie der zwischen den F_1 -Tieren und ihren Müttern (0,93 % zu 0,99 %).

Deshalb schloß der Autor, "daß es keinen merklichen Unterschied in der Wirkung der besonderen Faktoren der Jerseys für hohen Fettgehalt gibt, ob sie nun mit einem Faktor für ziemlich hohen oder niedrigen Milchfettgehalt der Roten Dänen zusammentreffen."

42 Rückkreuzungstiere zwischen F_1 -Kühen und Rote Dänen-Bullen hatten einen durchschnittlichen Milchfettgehalt von 4,4 % mit einer Variation von 3,3 - 5,0 % (Abb.11).

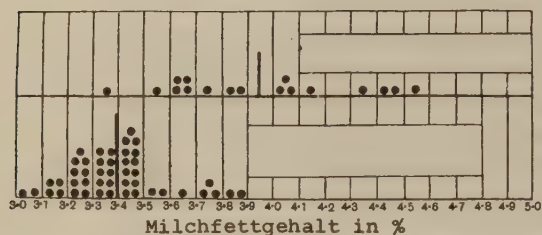
Abb. 11 Milchfettgehalt der Rückkreuzungskühe
(F_1 X Rote Dänen) im Vergleich mit ihren Müttern.



Geht man wie der Autor davon aus, daß nur ein Faktor den Unterschied zwischen den roten Dänen und den Jerseys bedingt, hätte man erwartet, daß die unteren Klassen stärker vertreten sind. Bei einer so geringen Zahl von 42 Individuen ist die Verteilung jedoch sehr unregelmäßig. Zudem wurden für die Rückkreuzung rote Dänen-Bullen verwendet, mit dem bestmöglichen Genotyp für hohe Milchfettleistung. Von den 42 Kühen der Rückkreuzung waren neun über dem Durchschnitt der F_1 -Generation und dem Maximum der roten Dänen. Wenn die Hälfte der Heterozygoten über dem Durchschnitt der F_1 -Generation wäre, hätte man 10,5 erwartet, was gut mit den neun Individuen übereinstimmt. 18 der 42 Kühe der Rückkreuzung hatten nahezudenselben oder einen höheren Milchfettgehalt als die F_1 -Kühe. Gemäß ihrem Phänotyp müßten diese 18 Kühe dieselben Faktoren für den Milchfettgehalt wie ihre Mütter haben, d.h. sie hatten den spezifischen Jerseyfaktor für hohen Milchfettgehalt in Einzahl. Bei einem Faktor müßte man unter den 42 Rückkreuzungstieren 21 erwarten, die denselben Phänotyp wie ihre Mütter haben. Die im Versuch gefundenen 18 entsprechen in etwa der errechneten Zahl.

Von den 42 Rückkreuzungstieren wurden 17 vom selben Bullen, Holev, gezeugt. Von diesem Bullen stammten auch 46 reinrassige rote Dänen.(Abb. 12):

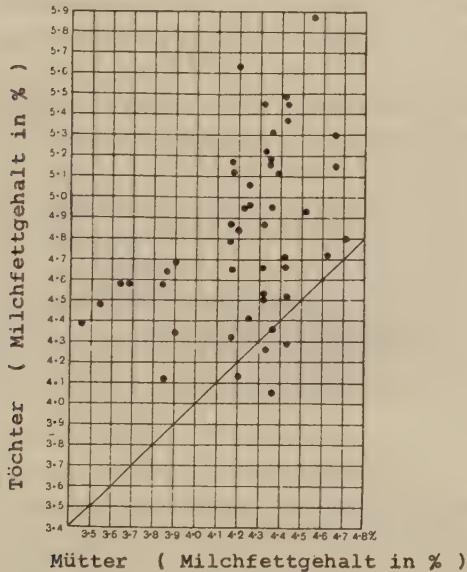
Abb. 12 Milchfettgehalt der Töchter des Bullen Holev



Die Verteilung des Milchfettgehaltes in den beiden Töchtergruppen des Bullen stimmt mit der Annahme von nur einem Faktor überein, da neun Kühe der Rückkreuzung einen Fettgehalt unter 3,9 % und acht Tiere einen Fettgehalt über 3,9 % hatten.

Rückkreuzungen der F_1 -Tiere mit Jersey-Bullen ergaben 49 Tiere (Abb. 13):

Abb. 13 MilCHFettgehalt der Rückkreuzungskühe (F_1 X Jersey)
im Vergleich mit ihren Müttern.



Der durchschnittliche MilCHFettgehalt betrug 4,82 %, mit einer Variation von 4,0 - 5,9 % (Variationskoeffizient: $8,71 \pm 0,88$). Der durchschnittliche MilCHFettgehalt der Mütter der Rückkreuzungstiere lag bei 4,24 %. Der Unterschied zwischen diesen F_1 -Müttern und der gesamten F_1 -Generation war nicht größer als 0,15 %. Trotz dieser geringen Differenz wurden für die Rückkreuzung Kühe mit relativ geringem MilCHFettgehalt verwendet. In Anbetracht dieser Auswahl zeigte die Rückkreuzung eine klare Aufspaltung in Richtung hoher MilCHFettgehalt. Bei dieser Rückkreuzung fällt auf, daß nur wenige Tiere eine geringere oder annähernd gleiche MilCHFettleistung wie ihre Mütter hatten. Diese Tatsache stimmt nicht mit den Resultaten der Rückkreuzung F_1 X rote Dänen überein. Im vorliegenden Fall hatten 13 von 49 Kühen dieselbe MilCHFettleistung wie die Mütter, in der Rückkreuzung mit den roten Dänen 18 von 42.

Dies konnte teilweise durch die Selektion der verwendeten F_1 -Tiere erklärt werden. Zudem nahm der Autor bei den Jersey-Bullen zusätzlich zu dem Faktor, der die hohe Milchfettleistung bedingt "einen weiteren Faktor an, der den Fettgehalt erhöht, wenn auch im geringeren Maße" als der erste Faktor. Das Vorliegen eines solchen modifizierenden Faktors wurde laut WRIEDT durch die Ergebnisse der Kreuzung zwischen rote Dänen-Bullen und Jersey-Rückkreuzungskühen bestätigt (Abb. 14):

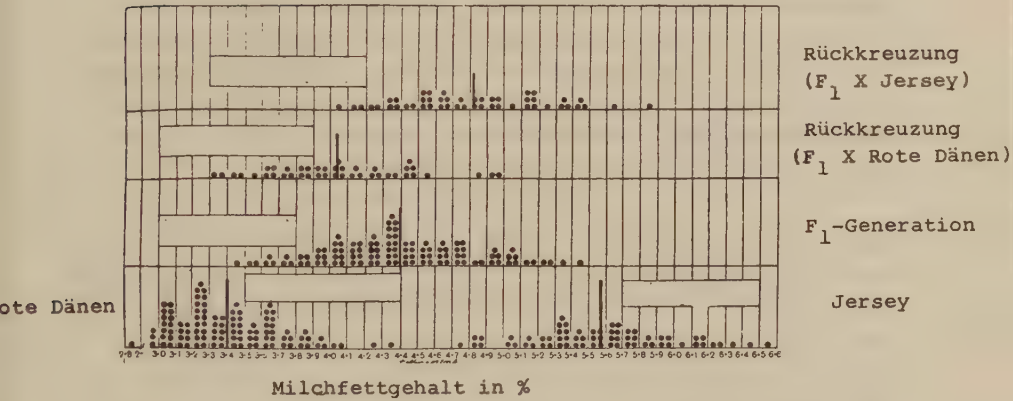
Abb. 14 Milchfettgehalt der F_1 -Kühe (•) und von Kühen der Kreuzung Rote Dänen mnl. X (F_1 X Jersey) wbl. (x).



In der Abbildung 14, in der die elf Kreuzungstiere mit den F_1 -Tieren verglichen werden, sieht man, daß sechs Tiere über dem Durchschnitt der F_1 -Generation lagen und daß ein Tier bei 6,0 % lag. Die restlichen fünf Tiere verteilten sich relativ gleichmäßig auf die untere Hälfte der F_1 -Generation. Es erschien dem Autor unwahrscheinlich, daß die Kühe der Rückkreuzung den Jersey-Faktor in doppelter Dosis hatten, sondern es war wahrscheinlicher, daß die Jerseys teilweise einen modifizierenden Faktor hatten, der den Fettgehalt anhebt. Die regelmäßige Verteilung der elf Tiere über die gesamte Leistungsbreite machen das Wirken polymerer Faktoren unwahrscheinlich.

In folgender Abbildung 15 gibt WRIEDT eine Zusammenfassung der Resultate:

Abb. 15 Zusammenfassung der Kreuzungsergebnisse.



"Die Hypothese, daß ein Hauptfaktor die Vererbung des Milchfettgehaltes bestimmt, wird durch die beiden Rückkreuzungen bestätigt. Bei der Rückkreuzung mit den Jerseys ist der niedrigste Milchfettgehalt bei 4,0 %, bei der mit den roten Dänen ist der höchste bei 5,0 %. Zwischen 4,0 und 5,0 % liegen 22 der 43 Rückkreuzungen der roten Dänen und 32 der 49 Rückkreuzungen der Jersey. Die Tatsache, daß beide Rückkreuzungen eine so ähnliche Verteilung zeigen, machen das Wirken polymerer Faktoren unwahrscheinlich." Der Autor meinte auf Grund des vorliegenden Materials, daß "nur ein einziger Faktor den Unterschied im Milchfettgehalt zwischen Jerseys und roten Dänen bedingt. Die phänotypische Ausbildung, bedingt durch den Faktor, variiert stark wegen der Wirkung unterschiedlichster Umweltbedingungen und weil man es vielleicht auch mit nicht genetischen Einflüssen zu tun hat, deren Ursachen unbekannt sind. Als weitere Schwierigkeit kommt hinzu, daß das Ausgangsmaterial in bezug auf die Faktoren, die den Milchfettgehalt bedingen, nicht homozygot war."

LEBERL, E. (1931) überprüfte die These von VON PATOW (1925) über die Vererbung der Milch- und Fettmenge beim Rind. Es stand eine Herde mit 140 Tieren und 415 Zwischenkalbezeiten (Laktationen) zur Verfügung.

Die äußeren Einflüsse, wie Alter, Kalbemonat und Länge der Melk- und Trockenzeit, wurde nicht nach Normen, sondern individuell berücksichtigt. Der Einfluß des Kalbemonats war durch die intensive Fütterung während des ganzen Jahres ohne Einfluß auf die Milchleistung. Die wechselnden Jahreseinflüsse wurden nach dem Beispiel VON PATOW (1925) durch Umrechnung der Einzelleistung auf den Stalldurchschnitt ausgeschaltet.

Die Eranalyse der Milchleistung wurde folgendermaßen durchgeführt: Das Zahlenmaterial, das bei den Milchleistungsprüfungen anfiel, wurde variationsstatistisch bearbeitet. (Für jedes Jahr berechnete die Autorin den Mittelwert, die Streuung und den Variationskoeffizienten der Milch- und Fettmenge sowie für jeden Wert den mittleren Fehler). Für jede Kuh wurde die Lebensleistung berechnet, die sich als Durchschnitt der umgerechneten Leistungen der "normalen" Zwischenkalbezeiten ergab. Die durchschnittlichen Tagesleistungen wurden in sieben Klassen mit je 1,5 kg Spielraum eingeteilt, d.h. die Verteilung nach der Auflösung des Binoms $(1 + 1)^6$ war als die Ideale anzusehen.

Über den Hergang der Vererbung verwendete die Autorin in Anlehnung an VON PATOW (1925) folgende Theorie:

Auf Grund der Tatsache, daß jede Kuh eine Mindestmilchleistung hat, kann man auf einen stets homozygot vorhandenen Grundfaktor schließen. Zu diesem Grundfaktor können zudem ein bis drei gleichstark und gleichsinnig wirkende Faktoren der Leistungssteigerung treten. "Die drei als die Milchleistung erblich beeinflussend gedachten Faktorenpaare bestehen aus je einem Faktor, der die Leistung erhöht (im folgenden mit großen Buchstaben A, B, C bezeichnet) und einem anderen (a, b, c) der dies nicht tut. Den Faktor der Grundleistung führt jede der sieben Klassen homozygot (GG). Die Klasse, die nur Grundleistung hat, wurde mit 0 bezeichnet, die anderen nach der jeweiligen Zahl von steigernden Faktoren mit 1 - 6. Es bestehen dann für die einzelnen Klassen folgende mögliche Kombinationen:

- Klasse 0: GG
- Klasse 1: GGAabbcc, GGaaBbcc, GGAabbCc,
- Klasse 2: GGAabbcc, GGaaBBcc, GGAabbCC, GGAaBbcc,
GGAabbCc, GGaaBbCc,
- Klasse 3: GGAABbcc, GGAAbbCc, GGAaBBcc, GGAaBBCC,
GGaaBBcc, GGaaBbCC, GGAaBbCc,
- Klasse 4: GGAABBcc, GGAABbCc, GGAAbbCC, GGAaBBcc,
GGAaBbCC, GGaaBBCC,
- Klasse 5: GGAABBBc, GGAABbCC, GGAaBBCC,
- Klasse 6: GGAABBBc,

Da die drei Faktoren als gleich stark und gleichsinnig wirkend angenommen sind, müssen Tiere, die nach der obigen Tabelle genotypisch verschieden sind, phänotypisch gleich sein, wenn sie nur dieselbe Anzahl von leistungsteigernden Faktoren führen. Solche Tiere gehören zu einer Leistungsklasse; eine Leistungsklasse kann also mehrere Genotypen umfassen (z.B. Klassen 1 - 5."

Die Spaltungs- und Vererbungsmöglichkeiten, die sich für die einzelnen Klassen und Kombinationen ergeben sind unten aufgeführt. Dabei ist der Grundleistungsfaktor weggelassen und die Gameten sind mit der Zahl der leistungsteigernden Faktoren bezeichnet.

Gametenbildung und Vererbung der Kühe der Klassen 0 - 6:

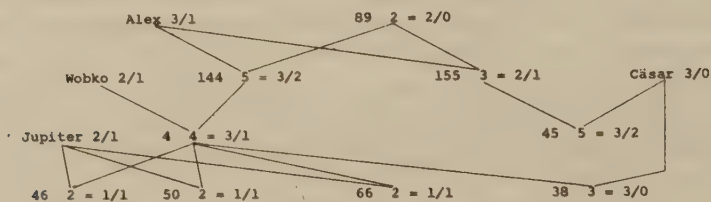
Klasse	Gameten	vererbt
0	0 und 0	nur 0
1	0 und 1	0 oder 1
2	2 und 0 oder 1 und 1	0 oder 2 oder 1
3	3 und 0 oder 2 und 1	3 oder 0 oder 2 oder 1
4	3 und 1 oder 2 und 2	3 oder 1 oder 2
5	3 und 2	3 oder 2
6	3 und 3	nur 3

"Aus dieser Zusammenstellung sieht man, daß in den Klassen 0,1,5 und 6 nur je eine Gametenkombination vorkommt. Kühe der Klasse 0 und 6 können, da homozygot, nur eine Leistungsanlage vererben, solche der Klasse 1 und 5 bereits je zwei verschiedene. Bei den Klassen 2, 3 und 4 kommt es darauf an, ob die drei Faktorenpaare gekoppelt sind oder nicht. Die für ein bzw. zwei Faktorenpaare dominant homozygoten Tiere der Klasse 2 und 4 bilden zwar nur eine Sorte von Gameten (z.B.AAbbcc nur Abc

oder AABbCc nur ABc) und können nur je eine Leistungsanlagenkombination vererben, bei den heterozygoten Tieren aller drei oben genannter Klassen haben wir aber bei Kopplung je zwei Vererbungsmöglichkeiten (z.B. AaBbCc bei Kopplung von A, B, C ABC oder abc), bei Nichtkopplung dagegen in den Klassen 2 und 4 je drei, in Klasse 3 sogar vier solcher. Ob Kopplung vorliegt oder nicht kann sich erst im weiteren Verlauf der Untersuchung ergeben. Als Ausgangspunkt der individuellen genetischen Analyse stehen Tiere der Klasse 0, 1, 5 oder 6, die nur eine Spaltungsmöglichkeit unter allen Voraussetzungen haben:

Abb. 16

Beispiel der individuellen genetischen Analyse.



Wie aus Abbildung 16 ersichtlich hat die Kuh 144 die Leistung $5 = 3/2$, kann von ihrer Mutter 89 demnach eine 3 oder eine 2 haben. Die 89 mit der Leistung 2 kann nur die 2 gegeben haben, hat also selbst die Formel $2/0$. Die 144 muß die 3 von ihrem Vater Alex haben. Eine zweite Tochter der 89, die 155, hat die Leistung 3, kann also die Formel $3/0$ oder $2/1$ haben. Von ihrem Vater Alex weiß man bisher nur, daß er eine 3 führt, die Mutter 89 hat $2/0$; aus dem über die Eltern Bekannten läßt sich keine Entscheidung über die Formel der 155 fällen. Diese hat aber eine Tochter 45, mit der Leistung $5 = 3/2$. Von deren Vater Cäsar ist aus anderen Kuhfamilien die Erbformel $3/0$ bekannt. Er hat also der Tochter 45 die 3 mitgegeben, deren 2 kann nur von der Mutter, 155, stammen." Damit stehen die Formeln der 155 mit $2/1$ und des Alex mit $3/1$ endgültig fest.

Auf diese Weise wurde das gesamte Material untersucht. Auf dem Gut Petkus wurde die dortige Herde genauso untersucht. Es wurden nun die Erbformeln von Bullen, die in beiden Herden eingesetzt waren, berechnet.

In vier Fällen stimmten die Erbformeln überein, in zwei Fällen nur unter der Annahme von Nichtkopplung. Einer dieser beiden Fälle sei hier kurz geschildert:

Der Bulle gehörte zur Klasse 4, hatte in Zwickau die Formel 3/1 in Petkus 2/2. Bei Annahme von Kopplung sind diese beiden Feststellungen nicht zu vereinbaren. Wird aber Unabhängigkeit im Erbgang der Faktoren angenommen, dann kann 4 sowohl in 3 und 1 als auch in 2 und 2 spalten.

Dies deutet darauf hin, daß keine Kopplung vorlag. Dadurch wurde es natürlich schwieriger den Erbwert eines Tieres der Klasse 2 - 4 festzulegen. Andererseits lag nun eine Erklärung dafür vor, daß die Nachkommen derselben Eltern oft in ihrer Leistung vollkommen verschieden waren. Besonders oft traf dies bei Tieren zu, deren Eltern in den Klassen 2 - 4 lagen, den Mittelklassen, die normalerweise den Hauptteil der Herde ausmachen. So fand die Autorin Nachkommen von Eltern, die beide der Klasse 3 angehörten in den Klassen 0 - 6.

Beispiel: Elterlicher Phänotyp: 3 und 3

Spaltungsmöglichkeiten: Für Bulle und Kuh gleichmäßig
je 0 oder 1 oder 2 oder 3

Kombinationsmöglichkeiten in der Nachzucht:

0/0 = 0 0/1 = 1 0/2 = 2 0/3 = 3

1/1 = 2 1/2 = 3 1/3 = 4

2/2 = 4 2/3 = 5

3/3 = 6

Die die Milchleistung steigernden Faktoren waren nach vorliegendem Material nicht geschlechtsgebunden.

Für die Erbanalyse der Fettleistung ergab sich folgendes:

Als Vergleichsmaßstab wurde die Fettmenge, nicht der prozentige Fettgehalt gewählt. Zwischen der Milchmenge und der Fettmenge besteht eine hohe Korrelation (+ 0,862). Zur Berechnung dieser Korrelation wurden die Lebensleistungen zugrundegelegt. Da die Lebensleistung den besten Ausdruck für die erbliche Veranlagung darstellt, konnte man davon ausgehen, daß die Ursachen der Variation zwischen den beiden Leistungen erblich bedingt war. Aus folgender Tabelle 8 ersieht man, daß die Milchmenge jeder Klasse mit einer bestimmten MilCHFettmenge verbunden war.

Tab. 8 Korrelation zwischen umgerechneten Milch- und Fettmengen

		Milchmenge kg Klassenspielraum 1,5 kg								
Klassenspielraum 45 g	Kl.	Kl.	-3	-2	-1	0	+1	+2	+3	n
	Kl.	M	5,5	7	8,5	10	11,5	13	14,5	
	-4	145	3							3
	-3	190	1	4	1					6
	-2	245		12	11		1			24
	-1	280			13	18	5			36
	0	325			3	16	20	2		41
	+1	370				1	8	9	1	19
	+2	415				1	2	3		6
	+3	460					2	1		3
Fettmenge g	+4	505						1	1	2
	n		4	16	28	36	38	16	2	140

Zudem umfaßt jede Milchklasse noch weitere Fettklassen (bis zu 4). Daraus folgte, "daß jeder milchsteigernde Faktor auch die Fettmenge um eine Einheit steigert und daß außerdem noch ein oder mehrere Faktoren mitwirken, die nur auf die Fettleistung von Einfluß sind." Die Autorin ging von zwei gleich starken und gleichsinnig wirkenden Faktorenpaaren aus. Ein Tier kann also keinen oder 1 - 4 fettsteigernde Faktoren führen.

Zahl der fettsteigernden Faktoren	Genotyp	spaltet in
4	$F_1 F_1 F_2 F_2$	$F_1 F_2, F_1 F_2$
3	$F_1 F_1 F_2 f_2$ oder $F_1 f_1 F_2 F_2$	$F_1 F_2 / F_1 f_2$ $F_1 F_2 / f_1 F_2$
2	$F_1 f_1 F_2 f_2$ oder $f_1 F_1 F_2 F_2$ oder $F_1 f_1 f_2 f_2$	$F_1 F_2 / f_1 f_2$ $f_1 F_2 / f_1 F_2$ $F_1 f_2 / f_1 f_2$
1	$F_1 f_1 f_2 f_2$ oder $f_1 f_1 F_2 F_2$	$F_1 f_2 / f_1 f_2$ $f_1 F_2 / f_1 f_2$
0	$f_1 f_1 f_2 f_2$	$f_1 f_2 / f_1 f_2$

Für die einzelnen Milchklassen ergab sich dann folgendes Bild:

Milchklasse	Milchmenge	Fettmenge bei Vorhandensein von fettsteigernden Faktoren				
		0	1	2	3	4
0	G	G	G + 1	G + 2	G + 3	G + 4
1	G + 1	G + 1	G + 2	G + 3	G + 4	G + 5
2	G + 2	G + 2	G + 3	G + 4	G + 5	G + 6
3	G + 3	G + 3	G + 4	G + 5	G + 6	G + 7
4	G + 4	G + 4	G + 5	G + 6	G + 7	G + 8
5	G + 5	G + 5	G + 6	G + 7	G + 8	G + 9
6	G + 6	G + 6	G + 7	G + 8	G + 9	G + 10

Die individuelle Erbanalyse jedes Tieres ging in derselben Weise wie bei der Untersuchung der Milchleistung vor sich.

Die Einheit, um die sich jede Milchklasse in der Fettmenge von der folgenden unterschied und um die jeder fettsteigernde Faktor die Fettmenge erhöhte, war mit 45 g angenommen.

Bei dieser Erbanlage konnte die Erbformel jedes Tieres sicher bestimmt werden. Für Kopplung oder Geschlechtsgebundenheit der Fetttfaktoren fanden sich keine Anhaltspunkte.

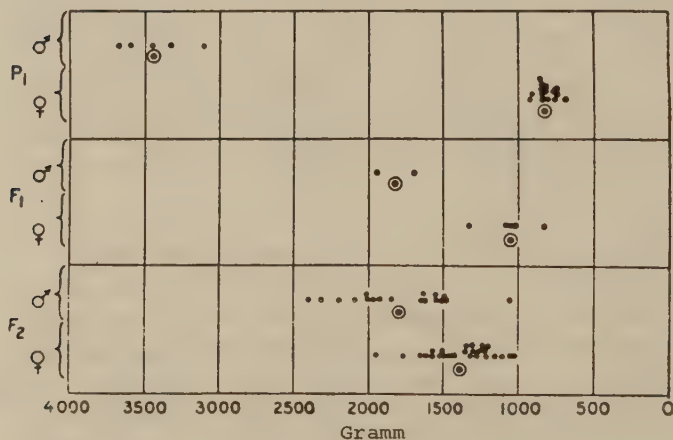
WATERS, N.A. (1931) fand bei der Kreuzung Weißes Leghorn X Leichte Brahmas und reziprok das Durchschnittsgewicht der F_1 - und F_2 -Generation intermediär zwischen den Elternrassen. In der F_2 -Generation lag eine größere Variation als in der F_1 -Generation vor. Dies stimmt mit der Annahme von einer Anzahl multipler Faktoren überein. Von diesen konnten manche mehr Einfluß auf die Körpergröße haben als andere. WATERS nahm an, daß die hohe Körpergewichtsdifferenz von 2000 g zwischen den Leghorn- und Brahma-Hähnen durch zwei Genpaare mit Hauptwirkung bedingt sei. Jedes Gen bewirkt heterozygot einen Gewichtsanstieg von 500 g und homozygot von 1000 g über das Gewicht der Leghorns hinaus.

Um die Vererbung des Körpergewichtes beim Haushuhn zu untersuchen, kreuzten JULL, M.A. und QUINN, J.P. (1931) Tiere der Rasse gestreifte Plymouth Rocks mit der Rasse rosenkämmige Black Bantams.

Auf Grund der Größendifferenz der Tiere wurden die Hennen künstlich besamt. Alle Tiere wurden im Alter von etwa 30 Wochen gewogen.

1. Kreuzung: Plymouth Rock mnl. X Black Bantam wbl. (Abb.17)
Fünf Plymouth Rock- Hähne (Durchschnittsgewicht = 3434 g) wurden mit 15 Black Bantam-Hennen (836 g) gekreuzt. Die F_1 -Generation bestand aus zwei Hähnen (1808 g) und fünf Hennen (1100 g), die F_2 -Generation aus 18 Hähnen (1803 g) und 26 Hennen (1382 g).

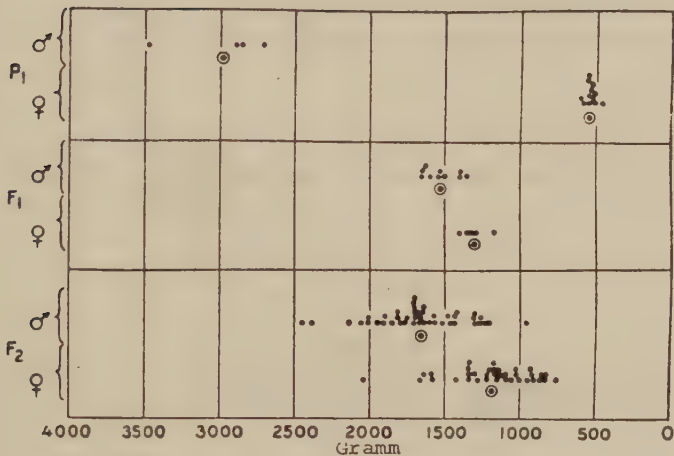
Abb. 17 Kreuzung Plymouth Rock mnl. X Black Bantam wbl.



Ein Jahr später wurde die Kreuzung wiederholt.

Diesmal wurden vier Plymouth Rock-Hähne (2989 g) mit zwölf Black Bantam Hennen (545 g) gekreuzt. Sowohl die männlichen als auch die weiblichen Tiere waren kleiner als die der ersten Kreuzung.

Abb. 18 Kreuzung Plymouth Rock mnl. X Black Bantam wbl.

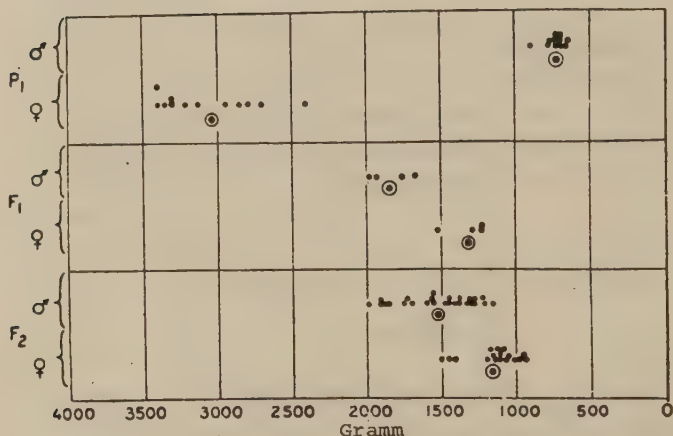


Die F₁-Generation bestand aus zehn Hähnen (1527 g) und fünf Hennen (1305 g). Diese fünf Hennen und vier F₁-Hennen der ersten Kreuzung wurden mit einem F₁-Hahn (1505 g) der zweiten Kreuzung gepaart. Das Durchschnittsgewicht der neun Hennen betrug 1223 g. Die daraus gezogene F₂-Generation bestand aus 44 Hähnen (1659 g) und 36 Hennen (1185 g). In beiden Kreuzungen war die Variationsbreite in der F₂-Generation größer als in der F₁-Generation. In beiden Geschlechtern lag das Durchschnittsgewicht der F₂-Generation der ersten Kreuzung über dem der zweiten Kreuzung. Dies wurde wahrscheinlich durch das unterschiedliche Gewicht der Eltern oder durch die verschiedenen Umwelteinflüsse bedingt.

2. Kreuzung: Black Bantam mnl. X Plymouth Rock wbl. (Abb. 19). Elf Black Bantam-Hähne (729 g) wurden mit elf Plymouth Rock-Hennen (3037 g) gekreuzt. Die F₁-Generation bestand aus vier Hähnen (1833 g) und vier Hennen (1323 g) und die F₂-Generation aus 26 Hähnen (1527 g) und 17 Hennen (1140 g):

Abb. 19

Kreuzung Black Bantam mnl. X Plymouth Rock wbl.



Die Autoren interpretierten die Ergebnisse ihres Versuchs in folgender Weise:

"Bei allen drei Kreuzungen war das mittlere Gewicht der männlichen und weiblichen F₁-Tiere dem durchschnittlichen Gewicht der Bantams näher als dem der Plymouth Rocks. Dies deutet auf unvollständige Dominanz eines oder mehrerer Faktoren für geringe Körpergröße hin.

In allen drei Kreuzungen des Experimentes zeigten die F₁-Tiere eine beachtliche Variabilität, womit man auch rechnen konnte, wenn man bedenkt, daß auch die Elternrassen eine beachtliche Variation zeigten.

In der F₂-Generation fand sich kein Tier, das den Ausgangsrassen entsprach und die Verteilung der Körpergewichte in der F₂-Generation zeigt, daß unter Umständen mehr als vier Faktoren an der Vererbung des Körpergewichtes beteiligt sind. Es können aber auch eine Vielzahl von Faktoren beteiligt sein."

Um die Aufspaltung der Körpergewichte zwischen der F_2 -Generation der ersten Kreuzung und der reziproken Kreuzung zu vergleichen, wurde das Körpergewicht jedes einzelnen Tieres als Prozentsatz des Durchschnittsgewichtes und zudem für jede Kreuzung getrennt berechnet und graphisch dargestellt (Abb. 20 und 21).

Abb. 20 Verteilung der prozentualen Körpergewichte in der F_2 -Generation.

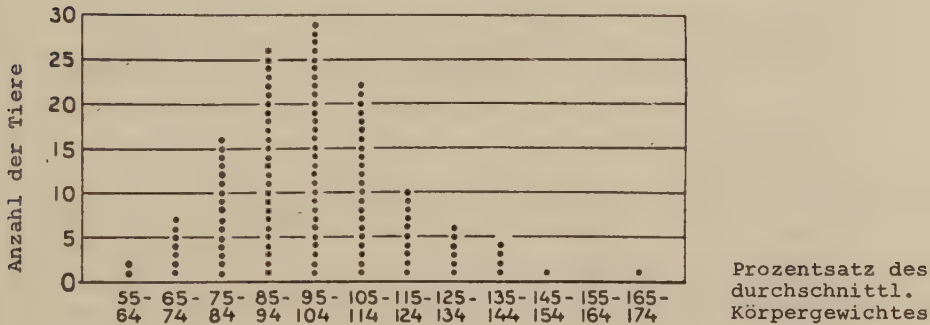
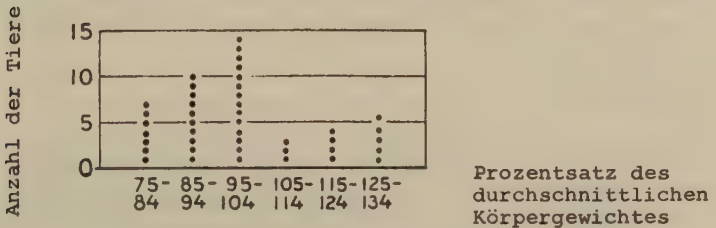


Abb. 21 Verteilung der prozentualen Körpergewichte in der reziproken Kreuzung.



Die Aufspaltung war in der ersten Kreuzung größer als in der reziproken Kreuzung. Ob dies durch die geringe Anzahl von Tieren in der reziproken Kreuzung oder durch die verschieden große Variabilität der Körpergewichte bei den Eltern bedingt war, ließ sich nicht sagen.

Abschließend wurde die Häufigkeitsverteilung des Körpergewichtes der Eltern mit dem der F_2 -Generation beider Kreuzungen verglichen (Tab.9):

Tabelle 9

Häufigkeitsverteilung des Körpergewichtes der Eltern und der F_2 - Generation beider Kreuzungen.

Prozentsatz des durchschnittlichen Körpergewichtes	Plymouth Rock mnl. X Black Bantam wbl.			Black Bantam mnl. X Plymouth Rock wbl.		
	Elter	Elter	F_2 - Nachkommen	Elter	Elter	F_2 - Nachkommen
55- 64			2			
65- 74		4	7			
75- 84	1	7	16		1	7
85- 94	2	1	26	3	3	10
95- 104	2	1	29	6	2	14
105- 114	4	4	22	1	4	3
115- 124		8	10	1	1	4
125- 134		1	6			5
135- 144		1	4			
145- 154			1			
155- 164			0			
165- 174			1			
Gesamt	9	27	124	11	11	43

Aus der Tabelle 9 schlossen die Autoren, "daß die größere Variation der F_2 -Tiere der Kreuzung Plymouth Rock mnl. X Black Bantam wbl., verglichen mit der Variation der F_2 -Tiere der reziproken Kreuzung, mit der relativ größeren Variation der weiblichen Elterntiere der ersten Kreuzung, verglichen mit der der zweiten Kreuzung, zusammenhängen könnte."

KRONACHER, C. und OGRIZEK, A. (1932) untersuchten neben der Farbvererbung auch die Vererbung der Körperformen bei der Kreuzung deutsches Edelschwein mnl. X Tamworth wbl. und stellten folgendes fest:

Die Längen- und Höhendimensionen des Schädels der F_1 -Tiere entsprachen weitgehend dem Tamworthschädel. Bezüglich der Schnauzenausbildung verhielten sich die F_1 -Tiere intermediär, d.h. der Facialteil des Schädels war kürzer und breiter als beim Tamworth und länger und schmaler als beim Edelschwein. Die Gesamtkopfbildung wies eine intermediäre Form auf und schien polymer bedingt. Die Länge und Breite der Ohrmuscheln der F_1 -Tiere nahm ebenfalls eine intermediäre Stellung zwischen den Ausgangsrassen ein, polymer bedingt.

In der F_2 -Generation traten in bezug auf die Kopfausbildung und Ohrform sowohl Typen auf, die weitgehend den Ausgangsrassen entsprachen, wie auch intermediäre Typen, wobei letztere häufiger waren.

Die Ohrstellung schien, unabhängig von der Ohrform, durch eine besondere Erbanlage bedingt zu sein.

Die Rumpflänge und Rumpftiefe wurde in der F_1 -Generation intermediär vererbt. Das Becken war bei allen F_1 -Tieren wie bei den Tamworth schräg gelagert, was auf einen dominanten Erbgang der schrägen Beckenlage hindeutet und wahrscheinlich einfach bedingt ist.

In der F_2 -Generation fand man bei der Rumpfausbildung und Beckenform auffallende Aufspaltungen, nämlich sowohl Typen, die den Ausgangsrassen entsprachen, als auch intermediäre Typen.

Das Längenwachstum der Gliedmaßen verhielt sich in der F_1 -Generation intermediär.

In der F_2 -Generation traten deutliche Aufspaltungen nach den Elternrassen wie nach den F_1 -Tieren auf, was auf polymere Bedingtheit des Merkmals schließen ließ.

HAMMOND, J. (1932) untersuchte eine Vielzahl von Rassekreuzungen beim Schaf (Southdown X Hampshire, Oxford X Hampshire, Leicester X Cheviot, Southdown X Suffolk und Leicester X Blackface). Dabei fand er eine Erhöhung des Lebendgewichtes und der Frühreife bei den im Gewicht wenig variierenden F_1 -Tieren, verglichen mit ihren Eltern. Die Steigerung von Gewicht und Frühreife bei den einzelnen Kreuzungen in der F_1 -Generation war unterschiedlich.

SPÖTTEL, W. (1932) verarbeitete die Ergebnisse von Kreuzungsversuchen zwischen Haustier- und Wildtierarten, die von KÜHN, A. (LOTSY, J.P. 1921) im Haustiergarten zu Halle durchgeführt wurden, um die Vererbung der Körperformen und des Skeletts zu untersuchen. Der Autor erwähnte, daß das Körpergewicht stark von Haltung, Fütterung und vom Zeitpunkt des Wiegens abhängig ist, er nahm jedoch keine Korrekturen vor.

Bezüglich des Körpergewichtes wurden folgende Kreuzungen ausgewertet:

1. Kreuzung: Zebu X Hausrind

Die Gewichtszunahme beim Zebu-Hausrind-Bastard verlief meist langsamer als beim Hausrind, teilweise sogar so langsam wie beim Zebu. Einzelne Tiere zeigten jedoch auch eine so schnelle Zunahme wie das Hausrind. Die Endgewichte der F_1 -Bastarde lagen im allgemeinen intermediär, mit starken Schwankungen. Bei Rückkreuzungen der F_1 -Bullen mit dem Hausrind lag die gleiche Wüchsigkeit wie beim Hausrind vor.

2. Kreuzung: Yak X Hausrind

Das mittlere Körpergewicht der F_1 -Kälber sowie das in Prozent des Muttergewichts berechnete Kälbergewicht lag in etwa intermediär zwischen den Kälbergewichten der Eltern. Die Rückkreuzungen ergaben folgende Aufspaltungen:

F_1 X Yak: Zwei Tiere mit dem niedrigen Kälbergewicht des Yak, zwei intermediäre Tiere. F_1 X Hausrind: Acht Tiere mit dem hohen Kälbergewicht des Hausrindes, vier intermediäre Tiere.

Das Endgewicht der F_1 -Tiere verhielt sich weitgehend intermediär. Hier zeigten die Rückkreuzungen folgende Aufspaltungen: F_1 X Hausrind: Sechs Tiere mit dem Gewicht der Hausrinder, zwei intermediäre Tiere. F_1 X Yak: Drei Tiere mit dem Gewicht der Yaks, ein intermediäres Tier mit starker Annäherung an das Yak.

Zusammenfassend bemerkte SPÖTTEL, daß "ganz klare Aufspaltungen bei den Rückkreuzungen vorliegen, während die F_1 -Bastarde intermediär sind. Es liegen anscheinend ähnliche einfache faktorielle Verhältnisse vor, wie sie GOLDSCHMIDT (1912) bei Enten und CASTLE (1909) bei Kaninchen festgestellt hat.

Bei der Untersuchung der Körperformen, Körperdimensionen und Körperproportionen führte SPÖTTEL keine Messungen durch, sondern beschrieb die untersuchten Körpermerkmale. Bezüglich der Vererbung dieser Merkmale fand er folgendes:

1. Kreuzung: Gayal X Hausrind

Typisch für den Gayal sind folgende äußere Merkmale: Starke Entwicklung der Brust und Vorhand, schwache Ausbildung der Hinterhand, geringe Bemuskelung des Unterschenkels, schmale Kruppe, Steilstellung der Extremitäten, feinknochig, Verlängerung der Dornfortsätze der vorderen Rückenwirbel, deutliche Wamme.

Bei den F_1 -Bastarden trat die Steilstellung der Extremitäten und die charakteristische Rückenausbildung wie beim Gayal zutage. Die Brust und die Vorderhand waren kräftiger entwickelt als beim Hausrind. Von zwölf Bastarden lagen in diesem Merkmal bei drei eine völlige Übereinstimmung mit dem Gayal vor, drei nahmen eine Mittelstellung zwischen Gayal und Hausrind ein, die restlichen sechs lagen zwischen der Mittelstellung und dem typischen Gayal. In der Ausgestaltung der Kruppe lag zum Teil Übereinstimmung mit dem Gayal, zum Teil mit dem Hausrind vor. Zwischen diesen Extremen fanden sich die verschiedensten Zwischenformen. Die Bemuskelung der Unterschenkel war bei den F_1 -Bastarden wie beim Gayal. Die Feinknochigkeit des Gayals trat bei den Bastarden von Tieflandrindern besonders, von Höhenrindern weniger in Erscheinung. In der Gestaltung des Kopfes und des Halses lagen die F_1 -Tiere intermediär zwischen den Elternrassen, teilweise etwas näher am Gayal. Die Wamme erschien von stark ausgeprägt bis völlig fehlend in allen Variationen.

Zusammenfassend stellt SPÖTTEL fest, "daß sich die einzelnen Körperteile in gewissem Grade selbständig verhalten haben, so daß der Bastard ein Mosaik und eine Mischung der einzelnen elterlichen Merkmale darstellt und hierdurch immer unharmonisch wirkt. Die Mosaikbildung und der unharmonische Bau treten bei den F_1 -Bastarden der Wildrinderkreuzungen um so schärfer in Erscheinung, je größer die Gegensätze in der Körpergestaltung der zur Kreuzung benutzten Rinder sind."

Bei der Rückkreuzung der F_1 X Hausrind traten drei Tiere auf, die weitgehend den F_1 -Bastarden entsprachen, und zwei Tiere, die fast vollständig dem Hausrind glichen. Bei allen sieben Rückkreuzungstieren entsprach die Kopf- und Halsgestaltung dem Hausrind, die Hinterhand- und Brustausbildung und die Bemuskelung der Unterschenkel aber dem Gayal. Daß hier, trotz der geringen Anzahl der F_1 -Bastarde, bereits in zwei Fällen wieder die Extremform des Hausrindes auftrat, deutete - laut SPÖTTEL - darauf hin, daß die Anzahl der Faktoren, die die Körperausbildung bedingen, gering sind "und daß auch eine starke Kopplung dieser Faktoren vorliegen muß, da sonst eine weit größere Variabilität der Bastarde entstehen müßte."

2. Kreuzung: Zebu X Hausrind

Das Verhältnis zwischen Rumpflänge und Widerristhöhe, das beim Zebu wesentlich geringer ist als beim Hausrind, trat bei etwa 50 Prozent der F_1 -Tiere auf. Der Rest verhielt sich in etwa intermediär, teils mit Annäherung zum Hausrind. Die Buckelausbildung bei den Bastarden reichte von voll ausgebildet bis kaum vorhanden. Die Hautfalte am Nabel, ein typisches Kennzeichen des Zebus, war in der F_1 -Generation lediglich angedeutet oder fehlte sogar ganz. Die Vielzahl von Hautfalten des Zebus war bei den F_1 -Bastarden nicht so ausgeprägt zu finden, trat aber, außer bei zwei Tieren, immer auf. Mischtypen zwischen den Ausgangsrassen fanden sich bei der Kopfform, zum Teil mit Annäherung an den schmalen Zebuschädel, zum Teil auch an den typischen Hausrinderschädel. Die große Brusttiefe und geringe Brustbreite des Zebus trat bei den F_1 -Bullen immer auf. Bei den weiblichen F_1 -Tieren war die Variabilität dieses Merkmals größer, teilweise traten sogar Brustproportionen wie bei den Hausrindern auf. Die Hüftbreite der Bastarde zeigte alle Stufen zwischen den Ausgangsrassen. Die Brustlänge, Widerristhöhe, Brust- und Beckenmaße wurden in der F_1 -Generation intermediär vererbt. Die Hinterhand der F_1 -Tiere entsprach meist der des Zebus, die Vorderhand meist einem Mischtyp zwischen den Ausgangsrassen. Beim Röhrbeinumfang waren die F_1 -Bullen teils intermediär, teils stimmten sie mit dem Zebu überein, die weiblichen F_1 -Tiere entsprachen weitgehend dem Hausrind.

SPÖTTEL meinte: "Wie bei den Gayalkkreuzungen stellen die F_1 -Bastarde der Zebu-Hausrinderkreuzung einen Mosaik- und Mischtyp dar, wenn auch letztere in größerem Umfang auftreten. Die einzelnen Maße verhalten sich bei verschiedenen Bastarden nicht gleichartig."

3. Schafkreuzung : Somalischaf X Merino

Das Somalischaf zeichnet sich durch folgende Merkmale aus: Der Körper ist weiß, der Kopf schwarz gefärbt, es ist feinknochig; der Stummelschwanz geht aus dem Fettpolster des Steißes in einer S-förmigen Krümmung hervor; die Tiere sind relativ klein, aber wohlproportioniert.

Bei den F_1 -Tieren lag ein unproportionierter Körperbau vor. Die Tiere waren hochbeinig wie das Merino, aber feinknochig wie das Somalischaf. Sie zeigten eine starke Schnürung hinter der Schulter und X- und Säbelbeinigkeit wie die Merinoeltern.

Die Schwanzausbildung war intermediär. Allgemein lag in der F_1 -Generation teils ein Nebeneinander der elterlichen Eigenschaften, teils eine intermediäre Ausgestaltung vor.

In der F_2 -Generation war die Variabilität größer, und neben den Mischtypen erschienen auch die Ausgangsformen.

Bei der Rückkreuzung der intermediären Typen der F_2 -Generation mit reinrassigen Somalis ähnelten fast alle Nachkommen dem Somalotyp.

Da bereits in der F_2 -Generation und bei den Rückkreuzungen die extremen elterlichen Formen auftraten, glaubte der Autor, daß für den Gesamtkörper verhältnismäßig einfache Faktorenverhältnisse vorliegen müssen. Auch nahm SPÖTTEL eine Faktorenkopplung an, da sonst die F_2 -Bastarde eine weit größere Variabilität hätten zeigen müssen. Einzelne Eigenschaften können in der F_2 -Generation zu neuen Kombinationen verbunden sein, wie z.B. die Färbung und der lange Schwanz der Merinos mit dem Habitus und der Behaarung des Somalischafs. Habitus, Schwanzausbildung, Färbung und Behaarung werden jedoch selbständig vererbt.

SPÖTTEL resümierte, "daß bezüglich des Körpergewichtes und des Habitus die Erblichkeitsverhältnisse bei den untersuchten Rinder- und Schafkreuzungen anscheinend weniger kompliziert liegen, als von vorneherein anzunehmen ist. Schon bei einem Material von geringem Umfange sind teilweise ganz klare Aufspaltungserscheinungen zu beobachten, so daß anscheinend einfachere Mendelsche Vererbungserscheinungen vorliegen."

HABU, Y. (1932) untersuchte lediglich die Vererbung der Kopfform beim Schwein. Er fand in Übereinstimmung mit KRONACHER (1926), CONSTANTINESCU (1933) und TEODOREANU (1929) intermediäre Vererbung der Kopfform mit leichtem Hinneigen zum Landschweintyp.

CONSTANTINESCU, G.K. (1933) kreuzte Mangalitza-Schweine mit Yorkshire-Schweinen (Middle White), um die Vererbung der Farbe und verschiedener morphologischer und physiologischer Eigenschaften zu untersuchen.

33 Kreuzungstiere von mehreren Mangalitza-Sauen und einem Middle-White-Eber wurden mit drei reinrassigen Middle-White-Schweinen vom selben Eber verglichen.

1. Vererbung der Haareigenschaften

Die Mangalitza-Rasse ist dicht behaart. Das Haarkleid besteht aus zwei verschiedenen Arten von Haaren, nämlich aus langen dicken und aus kurzen dünnen Haaren, die gekräuselt sind. Die Yorkshire-Schweine sind wenig behaart. Die Haare sind einheitlich und gerade.

Die F_1 -Tiere hatten einen einheitlichen Haartyp, der aber nicht dem der Yorkshire entsprach. Daraus schloß der Autor, daß die Vererbung der Behaarung intermediär ist.

In der F_2 -Generation fand CONSTANTINESCU die verschiedensten Haarformen, von denen einige mehr dem Yorkshirehaar, andere mehr dem Mangalitzahaar glichen. Aus der großen kontinuierlichen Variabilität ohne zahlenmäßig klare Aufspaltung schloß er, daß mehrere Faktoren an der Vererbung beteiligt sind.

Die Kräuselung des Haares machte bei den Mangalitzas zwei bis drei Umdrehungen eines jeden Haares aus. Das Yorkshirehaar war gerade. Das Haar der F_1 -Tiere zeigte nur eine unvollständige Drehung, etwa in Form eines Kreisbogens, wurde also intermediär vererbt. Die kontinuierliche Variabilität ohne klare Aufspaltung in der F_2 -Generation deutete auf Polymerie hin.

Auch in der Dichte des Haarkleides nahmen die F_1 -Tiere eine Mittelstellung zwischen dem Yorkshire und dem Mangalitza ein.

2. Vererbung der Kopf-, Ohr- und Körperform

In der Kopfform nahmen die F_1 -Tiere eine Mittelstellung ein, zwischen dem langen, spitzen Kopf des Mangalitzas und dem kurzen Kopf mit konkavem Profil des Middle-White. Die Kopfform wurde jedoch nicht als Ganzes vererbt, sondern die verschiedenen Komponenten vererbten sich getrennt.

So war z.B. bei den F_1 -Tieren das den Middle-White eigentümliche konkave Profil verschwunden. Daraus schloß der Autor, daß das konkave Profil rezessiv vererbt wird. Bei der Länge des Kopfes lag intermediäre Vererbung in der F_1 -Generation vor.

Das Mangalitzaschwein hat lange, dünne, spitze und abwärts geneigte Ohren, während das Ohr des Middle-White breit und aufwärts gerichtet ist. In der F_1 -Generation wurde die Ohrform, -größe und -richtung intermediär vererbt. In der F_2 -Generation war keine deutliche Aufspaltung eingetreten, was -laut Autor- auf Polymerie hindeutete.

Bei der Gesamtrumpfform, der Körperlänge, der Rückenlinie, der Beckenausbildung und der Schenkelausbildung lag eine intermediäre Merkmalsausbildung bei den F_1 -Tieren vor. In der F_2 -Generation trat eine kontinuierliche Variation zwischen den Ausgangsformen auf, die der Autor auf Polymerie zurückführte.

3. Vererbung physiologischer Eigenschaften

Der Autor betonte, daß die aufgeführten Ergebnisse keine gesicherten Resultate seien, sondern lediglich erste Eindrücke und Tendenzen:

Das Mangalitzaschwein ist ein Fettschwein und das Yorkshireschwein ein Fleischschwein. Es schien, als ob die F_1 -Generation etwas mehr zur Eigenschaft des Fettansatzes der Mangalitzas tendierte.

Das wenig fruchtbare Mangalitzaschwein wirft im Durchschnitt weniger als fünf Ferkel, während die Yorkshires über neun Ferkel im Durchschnitt werfen. Hier schien es, daß in der F_1 -Generation die geringe Fruchtbarkeit der Mangalitzaschweine dominierte.

Die Körperentwicklung der F_1 -Tiere schien nicht schneller zu verlaufen als bei den relativ spätreifen Mangalitzaschweinen.

Das Mangalitzaschwein ist bei weitem widerstandsfähiger, sowohl gegen Witterungseinflüsse und andere Schädigungen als auch gegen Krankheiten, als das Yorkshireschwein. Diese Widerstandsfähigkeit schien in der F_1 -Generation dominant zu sein.

HUNSDÖRFER, R. (1933) untersuchte die Vererbung der Milchleistung an einer schwedischen Fjällviehherde. Er wollte überprüfen, ob die VON PATOW'sche Hypothese auch für primitive, d.h. züchterisch kaum beeinflusste, Rassen gilt. Um das Material für die Erbanalyse vorzubereiten, wurde zunächst der Einfluß der wechselnden Jahre in Anlehnung an VON PATOW durch Umrechnung auf den Stalldurchschnitt ausgeschaltet. Die übrigen nichterblichen Einflüsse (z.B. Kalbemonat, Alter, Länge der Trockenzeit und Service Periode) wurden nicht nach Norm, sondern individuell berücksichtigt. Die VON PATOW'sche Hypothese ließ sich für die vorliegende Fjällherde restlos und ohne Hindernisse durchführen. Weiter stellte HUNSDÖRFER fest, daß die Faktoren gleich stark und gleichsinnig wirken und daß keine Kopplung der Faktoren vorliegt.

SCHMIDT, J., LAUPRECHT, E. und WINZENBURGER, W. (1934 a) untersuchten die Vererbung der Mastleistung des Schweines in der ersten Kreuzungsgeneration. Es wurden folgende Rassen verwendet:

1. Hannover - braunschweigisches Landschwein (HB)
2. Deutsches verdeltes Landschwein (VL)
3. Schwäbisch - hällisches Schwein (SH)
4. Englisch-Berkshire Schwein (BS)
6. Englisch-Middle-White Schwein (MW)

Einige Sauen dieser Kulturrassen wurden mit einem amerikanischen Hampshire-Eber bzw. mit einem einheimischen Wildschweineber gekreuzt. Für diese beiden Rassen fehlte reinrassiges Vergleichsmaterial. Die Haltungs- und Ernährungsbedingungen wurden möglichst konstant gehalten, und die einzelnen Körpermaße wurden

bei 100 kg Körpergewicht gemessen. Alle untersuchten Merkmale zeigten individuelle Schwankungen, so daß sich die extremen Varianten der Rassen teilweise überschnitten. Die Autoren verglichen die Mittelwerte und kamen zu folgenden Ergebnissen (Tab.10):

Die F_1 -Generation der Kreuzung Deutsches veredeltes Landschwein X Berkshire-Schwein wies die größte Individuenzahl (16) auf. Bezüglich der Widerristhöhe lag dabei ein intermediäres Verhalten mit starker Annäherung an die große Widerristhöhe vor. Die anderen Kreuzungen verhielten sich ähnlich.

Die Rumpflänge, am lebenden Tier gemessen, war ungenau und verhielt sich im Versuch nicht eindeutig. Deshalb wurde als Längenmaß die Länge der Schlachtkörperhälften, gemessen vom Hinterhauptsbein bis zur Beckenfuge, verwendet. Bei fast allen Kreuzungen näherte sich die Seitenlänge der F_1 -Tiere dem Elter mit der größeren Seitenlänge oder übertraf ihn sogar.

Als Maß für die Knochenstärke wurde der Röhrbeinumfang verwendet. Der Röhrbeinumfang lag bei den F_1 -Tieren intermediär, näherte sich aber oft der Elternrasse mit dem kleineren Maß an. Die Kopflänge wurde allgemein intermediär vererbt. In zwei Kreuzungen, mit geringer Individuenzahl (SH X BS und SH X MW) wurden die Maße der Elternrasse mit dem längeren Kopf sogar übertroffen.

Bezüglich der Stirnbreite lagen die F_1 -Tiere zwischen den Elternrassen, näherten sich aber häufig dem Elter mit der kleineren Stirnbreite fast vollständig an. Teilweise wurden sogar die Werte der die schmälere Stirn aufweisenden Elternrasse überschritten (z.B.: HB X MW, SH X BS, SH X MW). Der Halsumfang der F_1 -Tiere lag zwischen dem der Ausgangsrassen, neigte aber stark zu der Elternrasse mit dem kleineren Maß.

Die Brusttiefe der Kreuzungstiere übertraf weitgehend diejenigen der Elternrasse.

Die Brustbreite verhielt sich bei fast allen Kreuzungen dominant, teilweise wurden die Werte der Eltern übertroffen.

Tab. 10 Die Körpermaße der untersuchten Schweinerassen und -Kreuzungen bei 100 kg Lebendgewicht.

Rasse bzw. Kreuzung ¹⁾	Tiere Anzahl	Wider- rsthöhe cm	Kreuz- hock cm	Rumpf- länge (lebend) cm	Seiten- länge (geschl.) cm	Rohr- bein- umfang cm	Kopf- länge cm	Stirn- breite cm	Hals- umfang cm	Brust- tiefe cm	Brust- breite cm	Brust- umfang cm	Um- dreher- breite cm
HB	31	68,1	63,8	74,9	71,4	84,2	82,3	98,7	97,5	14,2	13,8	29,8	29,9
VL	172	65,0	65,5	71,6	72,4	83,6	84,2	95,1	95,6	16,6	16,7	27,4	27,8
SH	10	62,2	61,5	66,8	66,2	81,6	81,9	94,0	92,8	16,2	15,9	24,1	24,2
BS	29	59,6	59,2	66,3	65,3	82,2	83,0	91,3	92,0	15,3	15,0	22,0	22,6
MW	2	38,3	—	63,0	—	89,0	—	—	—	15,5	—	16,5	—
HB × MW	1	64,0	65,0	68,0	70,0	83,0	81,0	95,0	93,0	15,0	14,5	20,0	20,0
VL × SH	4	64,5	63,9	69,8	71,0	86,8	85,3	96,1	95,5	16,3	16,0	25,0	25,3
VL × BS	16	64,0	64,6	71,0	71,7	82,8	84,7	94,9	96,6	15,6	15,1	25,2	24,9
VL × MW	2	64,0	60,3	71,0	67,3	88,0	84,3	93,5	93,0	16,0	15,3	25,5	21,5
SH × BS	3	62,7	59,0	69,0	68,0	81,7	84,0	94,8	93,0	15,3	16,0	24,7	23,0
SH × MW	1	63,0	63,0	72,0	71,0	80,0	80,0	93,0	92,0	16,0	16,0	25,0	25,0
BS × MW	7	59,0	61,0	65,2	68,4	85,1	83,6	92,5	90,0	15,5	14,9	18,9	20,6
HB × VL	2	65,5	67,0	74,5	69,5	89,0	87,5	96,3	93,7	15,0	15,3	28,5	28,0
WS × BS	2	63,5	68,0	70,5	70,0	83,0	84,0	98,0	93,0	14,0	15,0	31,3	32,0
WS × SH	1	61,0	62,0	68,0	70,0	83,0	84,3	96,0	96,5	16,0	16,0	24,0	32,0

Abkürzungen: HB=hann.-braunschweigesches Landschwein; VL=deutsches veredeltes Landschwein; SH=schwäbisch-hällisches Landschwein; BS=engl. Berkshireschwein; MW= engl. Middle-White-Schwein; HS=amerikanisches Hampshire-Schwein; WS= deutsches Wildschwein;

Der Brustumfang verhielt sich intermediär mit Annäherung an die Elternrasse mit dem größeren Wert. Teilweise wurde sogar die das größere Maß aufweisende Elternrasse übertroffen.

In der Umdreherbreite übertrafen die F_1 -Tiere die Ausgangsrassen.

In folgenden Merkmalen übertrafen die F_1 -Tiere der Kreuzungen von Hampshire- und Wildschweinebern mit den Kulturrassen ihre jeweilige mütterliche Rasse: Widerristhöhe, Rumpflänge, (größtenteils) Seitenlänge, Kopflänge, Brusttiefe, Brustbreite, Brustumfang, Umdreherbreite. Bei den Merkmalen Röhrebeinumfang, Stirnbreite und Halsumfang lagen ihre Werte unter denen der mütterlichen Rasse.

Zusammenfassend ergab sich, daß in den "durchgeführten Versuchen die Kreuzungstiere verschiedener Schweinerassen in den Längen-, Breiten- und Tiefenmaßen des Rumpfes im Mittel an die Werte der Ausgangsrassen mit den großen Maßen herankommen oder sie zum Teil sogar übertreffen. Der Knochenanteil und die weniger wertvolle Halsgegend sind verhältnismäßig verringert."

SCHMIDT, J., LAUPRECHT, E. und WINZENBURGER, W. (1934 b) behandelten in einer zweiten Veröffentlichung die Vererbung der Nährstoffausnutzung und der Mastdauer in der ersten Kreuzungsgeneration.

Die Nährstoffausnutzung oder Futterverwertung (=Stärkewertverzehr in kg zur Erzeugung von 100 kg Lebendgewicht) wurde für den Mastabschnitt von 30 - 100 kg gemessen, und zwar nicht für ein Einzeltier, sondern für das Mittel der gemeinsam gefütterten und gehaltenen Tier einer Mastgruppe. Da eine solche aus zwei Ferkeln eines Wurfes, und zwar einem kastrierten männlichen und einem weiblichen Tier, bestand, konnten auch Geschlechtsunterschiede nicht zum Ausdruck kommen. Bei den Ausgangsrassen stellten die Autoren fest, daß die Nährstoffausnutzung um so schlechter war, je fröhreifer die Rassen waren.

Tabelle 11 zeigt die Nährstoffausnutzung der Ausgangsrassen und der F₁-Tiere:

Tabelle 11 Aufwand an Stärkewerten in kg zur Erzeugung von 100 kg Gewichtszunahme für den Wachstumsabschnitt von 30- 100 kg Lebendgewicht.

Eltern	Kreuzung	Eltern	Eltern	Kreuzung	Eltern
HB (42) 321	(2) 283	MW (2) 380	BS (52) 306	(8) 302	MW (2) 380
VL (461) 289	(4) 272	SH (26) 277	VL (461) 289	(11) 260	HS -
VL (461) 289	(25) 280	BS (52) 306	HS (26) 277	(3) 477	WS -
VL (461) 289	(3) 297	MW (2) 380	BS (52) 306	(1) 335	WS -
SH (26) 277	(1) 311	BS (52) 306			

Abkürzungen: BS= englisches Berkshire- Schwein. HB= hannover- braunschweigisches Landschwein. MW= englisches Middle- White Schwein. HS= amerikanisches Hampshire- Schwein. SH= schwäbisch- hällisches Landschwein. VL= deutsches veredeltes Landschwein. WS= deutsches Wildschwein. In Klammer Anzahl der Tiere.

Die Autoren stellten fest, daß die "Futterverwertung von der Rassenzugehörigkeit abhängig ist, d.h. erblich bedingt ist. In der ersten Kreuzungsgeneration ist die Futterverwertung im Mittel besser als bei den Elternrassen." Nur zwei Kreuzungen, mit geringer Individuenzahl zeigten ein anderes Bild (VL X MW, SH X BS)."Die Nachkommen des Wildschweinebers mit Hausschweinen hatten einen höheren Nährstoffverbrauch als ihre mütterlichen Rassen."

Tabelle 12 zeigt die Mastdauer, der in den vorliegenden Versuchen benutzten Rassen und Kreuzungen für den Gewichtsabschnitt 30 - 100 kg.

Tabelle 12 Mastdauer in Tagen für den Wachstumsabschnitt 30- 100 kg Lebendgewicht.

Eltern	Kreuzung	Eltern	Eltern	Kreuzung	Eltern
HB (42) 122,6	(2) 101,5	MW (2) 169,0	BS (52) 133,8	(8) 115,2	MW (2) 169,0
VL (461) 108,4	(4) 108,0	SH (26) 112,3	VL (461) 108,4	(11) 107,6	HS -
VL (461) 108,4	(25) 107,5	BS (52) 133,8	SH (26) 112,3	(3) 278,3	WS -
VL (461) 108,4	(3) 112,8	MW (2) 169,0	BS (52) 133,8	(1) 158,0	WS -
SH (26) 112,3	(1) 108,0	BS (52) 133,8			

Bei den reinen Rassen fand sich mit zunehmender Frühreife eine Verlängerung der Mastdauer (außer beim Hannover-braunschweigischen Landschwein). Bei fast allen Kreuzungen lag Dominanz der Schnelligkeit vor (Ausnahme: VL X MW). Der Wildschweineber verlängerte die Mastdauer seiner Nachkommen, verglichen mit ihren Müttern.

In einer dritten Arbeit untersuchten SCHMIDT, J., LAUPRECHT, E. und WINZENBURGER, W. (1934 c) die Vererbung der Ausschlagungsleistung in der ersten Kreuzungsgeneration.

Das Tiermaterial der vorigen Arbeiten wurde weitgehend für diese Untersuchung herangezogen. Für die einzelnen Teilstücke wurde eine Umrechnung der Werte der weiblichen Tiere auf die der männlichen unter Zugrundelegung der bei den veredelten Landschweinen vorliegenden Verhältnisse durchgeführt. Da das Körpergewicht der Tiere bei der Schlachtung nie genau das gleiche sein kann (ca. 100 kg Schlachtgewicht), wurden, um einen einwandfreien Vergleich zu ermöglichen, die einzelnen Teilstücke in Prozent des Lebendgewichts angegeben.

Für die meisten Kreuzungen standen nur relativ wenige Nachkommen zur Verfügung. Es war möglich, daß deren Merkmale nicht der normalen mittleren Beschaffenheit entsprachen. Deshalb wurden für Schlüsse weitgehend nur die Kreuzungen mit zahlreicher Nachzucht ausführlich berücksichtigt (in erster Linie die Kreuzung veredeltes Landschwein X Berkshire).

Der prozentuale Anteil des Schlachtverlustes und der einzelnen Teilstücke bei den 100 kg schweren Tieren der untersuchten Rassen und Kreuzungen ist in Tabelle 13 dargestellt:

Tab. 13 Prozentualer Anteil des Schlachtverlustes und der einzelnen Teilstücke.

Rasse bzw. Kreuzung	Tiere Anzahl	Schlacht- verlust %	Kopf %	Kamm-Kote- lett-Hüftstück %	Schinken %	Blatt- Bauchstück %	Speckseite %	Flomen %	Insgesamt %
HB	38	17,3	6,4	15,1	16,2	25,3	15,6	4,1	100,0
WE	75	18,3	7,6	15,2	18,2	26,9	11,3	2,5	100,0
VL	383	18,4	7,4	16,0	17,7	25,6	12,0	2,9	100,0
SH	35	17,1	7,7	15,9	17,1	24,8	14,3	3,1	100,0
BS	51	16,1	7,7	16,3	16,5	26,5	13,6	3,3	100,0
MW	2	14,7	6,7	15,6	15,9	27,7	15,1	4,3	100,0
HB×WE	9	18,9	7,1	15,4	16,2	24,1	15,0	3,3	100,0
HB×MW	2	15,5	6,8	13,5	16,0	24,4	19,3	4,5	100,0
VL×SH	11	18,3	7,3	15,6	16,4	24,9	14,2	3,4	100,0
VL×BS	30	17,8	7,1	16,1	16,6	25,1	13,7	3,3	100,0
VL×MW	6	17,5	7,7	16,0	17,2	25,7	13,0	2,9	100,0
SH×BS	4	20,5	6,9	15,6	16,0	23,9	13,6	3,5	100,0
SH×MW	2	18,4	7,2	16,4	16,8	24,0	14,4	2,8	100,0
BS×MW	11	16,3	6,9	16,2	15,6	26,7	15,2	3,1	100,0
HS×VL	10	18,2	7,3	16,3	17,0	23,0	13,1	3,1	100,0
WS×SH	3	19,5	6,4	17,6	17,4	24,5	10,6	4,0	100,0
WS×BS	2	18,1	7,2	16,8	16,0	25,1	13,0	3,8	100,0

Abkürzungen: BS= englisches Berkshire-Schwein. HB= hannover-braunschweigisches Landschwein. MW= englisches Middle-White-Schwein. HS= amerikanisches Hampshireschwein. SH= schäbisch-hällisches Landschwein. VL= deutsches veredeltes Landschwein. WS= deutsches Wildschwein.

1. Schlachtverlust

Bei den reinen Rassen geht der Schlachtverlust mit zunehmender Frühreife der Rassen zurück.

Der Schlachtverlust der F_1 -Tiere lag zwischen dem der Elternrassen mit Annäherung an die Elternrasse mit dem höheren Wert. Teilweise wurde sogar der Wert der Rasse mit dem höheren Schlachtverlust übertroffen.

2. Kopf

Das Kopfgewicht der F_1 -Tiere war im Mittel kleiner als das der Elternrassen mit dem geringeren Wert.

3. Kamm-Kotelett-Hüftstück

Das Gewicht des Kamm-Kotelett-Hüftstückes lag zwischen dem der Ausgangsrassen mit Hinneigen der Nachkommen zur Elternrasse mit dem kleineren Gewicht.

4. Schinken

Bei den reinen Rassen fand man im großen und ganzen mit zunehmender Veredelung eine Abnahme des Schinkengewichtes. Bei den Kreuzungstieren lag der Schinkenanteil bei der Elternrasse mit dem geringeren Wert. Teilweise wurde sogar ein geringerer Schinkenanteil als bei der Elternrasse mit dem kleinen Schinkengewicht gefunden.

5. Blatt-Bauchstück

Die F_1 -Tiere zeigten im Mittel ein Blatt-Bauchgewicht, das demjenigen der Elternrasse mit dem geringeren Wert gleichkam oder sogar noch kleiner war.

6. Speckseite

Die Speckseite der Kreuzungstiere war anteilmäßig genau so stark ausgebildet wie diejenige der Elternrasse mit dem größeren Speckanteil.

7. Flomen

Das Flomengewicht nahm im großen und ganzen mit dem Grad der Veredelung der verwendeten Rassen zu.

Bei den Kreuzungstieren fand man ein Flomengewicht, das dem der Elternrasse mit dem größeren Flomengewicht entsprach oder dasselbe noch übertraf.

Zusammenfassend stellten die Autoren fest, "daß die erste Nachkommengeneration einiger verschiedener Rassenkreuzungen des Schweines hinsichtlich der Höhe des Schlachtverlustes sowie hinsichtlich des Anteils der Speckseite und der Flomen am Gesamtgewicht sich der Elternrasse mit dem höheren Anteil derselben nähert oder sie sogar übertrifft. Demgegenüber richtet sich die gewichtsmäßige Ausbildung des Schinkens und des Blatt-Bauchstückes weitgehend nach der Elternrasse mit dem geringeren Gewicht dieser Teilstücke oder sie ist noch kleiner als diese."

LAUTH, H. (1935) beschäftigte sich mit der Vererbung von Körper- und Eigewicht beim Haushuhn. Sie untersuchte folgende Kreuzungen:

- Weißes Leghorn X Seidenfiedrige Negerhühner, reziprok.
Ausgewachsene Leghorns wiegen fast doppelt so viel wie ausgewachsene Neger und ihre Eier sind über 1 1/2 mal so schwer. Untersucht wurden zwei reziproke Kreuzungen. Die Stammeltern der Kreuzung a) waren ein Leghornhahn und mehrere Negerhennen. Aus ihnen wurde eine F_1 - und eine F_2 -Generation gezogen. Ein F_1 -Hahn wurde zur Zucht von Rückkreuzungen mit zwei Negerhennen und einer Leghornhenne gepaart. Die reziproke Kreuzung b) wurde aus einem Negerhahn und einer Leghornhenne durchgeführt. Die F_1 - und F_2 -Generation wurde gezogen.
- Faverolles X Gelbe Italiener
Aus der Kreuzung der Faverolles mnl. X Gelbe Italiener wbl. wurde eine F_1 - und eine F_2 -Generation gezogen. Es wurden zudem zwei Rückkreuzungen aus dem F_1 -Hahn und mehreren reinrassigen Faverolles-Hennen und reinrassigen Gelben Italiener-Hennen durchgeführt.

Bei allen Kreuzungen wurde das Eigewicht ("Ei"), das Schlupfgewicht ("J"), das Gewicht der Küken am 100. Lebenstag ("G 100") und das Endgewicht im Alter von sieben Monaten ("E") bestimmt. Berechnet wurden folgende, von GOLDSCHMIDT (1912) eingeführte Wüchsigskeitsziffern:

$$\begin{aligned}\text{Eiausnutzungskoeffizient} &= \frac{J}{Ei} \\ \text{Wüchsigskeitsziffer } W_{100} &= \frac{G \ 100}{J_E} \\ \text{Wüchsigskeitsziffer } W_E &= \frac{E}{J}\end{aligned}$$

1. Vererbung der Wüchsigkeit und des Körpergewichtes

I. Schlupfgewicht und Eiausnutzung

Für jedes Tier wurden folgende Daten bestimmt.

Das Eigewicht beim Schlupf (E_i)

Das Schlupfgewicht (J)

Der Eiausnutzungskoeffizient ($\frac{J}{E_i}$)

Für jede Generation wurde dann der Mittelwert nebst mittlerem Fehler und Streuung berechnet. Für die Kreuzung Weiße Leghorn X Neger ergaben sich folgende Werte (Tab.14):

Tab. 14 Eigewicht, Schlupfgewicht und Eiausnutzungskoeffizient der Kreuzung Weißes Leghorn X Neger.

Kreuzung	Eigewicht der geschlüpften Küken in g.	Schlupfgewicht in g.	Eiausnutzungs-koeffizient.
P Weiße Leghorn	62,75 $\pm 1,15$ $\delta \pm 3,63$	41,15 $\pm 0,97$ $\delta \pm 3,07$	0,6557 $\pm 0,0268$ $\delta \pm 0,0847$
P Neger	38,4 $\pm 1,03$ $\delta \pm 2,52$	24,4 $\pm 0,58$ $\delta \pm 2,1$	0,6757 $\pm 0,0113$ $\delta \pm 0,0278$
F_1 a (Negerei)	ca. 38-40	ca. 25-28	ca. 0,66-0,7
F_1 b (Leghornei)	63,75 $\pm 0,96$ $\delta \pm 5,45$	41,61 $\pm 0,52$ $\delta \pm 2,97$	0,6525 $\pm 0,008$ $\delta \pm 0,0445$
F_2 a	41,92 $\pm 0,298$ $\delta \pm 2,35$	27,96 $\pm 0,202$ $\delta \pm 1,59$	0,6693 $\pm 0,0056$ $\delta \pm 0,043$
F_2 b	48,08 $\pm 0,293$ $\delta \pm 3,29$	32,46 $\pm 0,173$ $\delta \pm 2,60$	0,677 $\pm 0,0027$ $\delta \pm 0,032$
Leghorn- Rückkreuzung	58,59 $\pm 0,605$ $\delta \pm 4,72$	38,61 $\pm 0,28$ $\delta \pm 3,2$	0,6594 $\pm 0,0051$ $\delta \pm 0,045$
Neger- Rückkreuzung	39,57 $\pm 0,47$ $\delta \pm 2,86$	26,79 $\pm 0,34$ $\delta \pm 2,51$	0,674 $\pm 0,0076$ $\delta \pm 0,0315$

Nach GOLDSCHMIDT (1912) ist der Eiausnutzungskoeffizient ein Maß für die assimilatorische Leistungsfähigkeit des Embryos. Deshalb glaubt er vom Eiausnutzungskoeffizienten auf die erbliche Bedingtheit des Schlupfgewichtes schließen zu können. Bei der obigen Kreuzung war dies jedoch nicht möglich, da die Eiausnutzungskoeffizienten zwischen den Ausgangsrassen innerhalb des dreifachen mittleren Fehlers lagen.

Bei der Kreuzung Faverolles X Gelbe Italiener wurden folgende Daten festgestellt (Tab. 15):

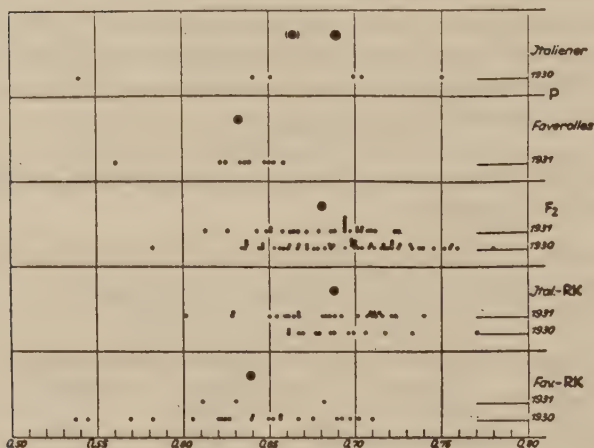
Tab. 15 Eigewicht, Schlupfgewicht und Eiausnutzungskoeffizient der Kreuzung Faverolles X Gelbe Italiener.

Kreuzung	Eigewicht der geschlüpften Küken	Schlupfgewicht I	Eigewicht Schlupfgewicht I E _i
P Rein Faverolles	62.65 ± 1.05 σ = ± 3.31	29.65 ± 0.90 σ = ± 2.83	0.6326 0.0083 σ = ± 0.0264
P Rein Gelbe Italiener	61.25 ± 1.09 σ = ± 2.67	40.58 ± 1.40 σ = ± 3.42	0.6890 0.0230 σ = ± 0.0564
F ₁	(Gelbe Italiener) ca. 61-62 g	schätzungsweise ca. 40 g	-
F ₂	63.11 ± 0.56 σ = ± 3.19	43.55 ± 0.44 σ = ± 4.30	0.6808 0.0040 σ = ± 0.0364
Faverolles- Rückkreuzung	61.91 ± 0.57 σ = ± 2.90	39.54 ± 0.62 σ = ± 3.12	0.6390 0.0092 σ = ± 0.0461
Italiener- Rückkreuzung	61.98 ± 0.645 σ = ± 4.13	41.94 ± 0.43 σ = ± 3.41	0.6872 0.0051 σ = ± 0.0322

Das Eigewicht war hier bei beiden Rassen etwa gleich groß. Da das Schlupfgewicht bei den Italienern größer war, lag somit auch der Eiausnutzungskoeffizient höher. Da die Differenz der Eiausnutzungskoeffizienten zwischen den Rassen hier weit über dem dreifachen Fehler lag, war es möglich, vom Eiausnutzungskoeffizienten auf den Genotyp des Schlupfgewichtes zu schließen.

Die Vererbung des Eiausnutzungskoeffizienten in der Kreuzung Faverolles X Gelbe Italiener geht aus Abbildung 22 hervor:

Abb. 22 Eiausnutzungskoeffizient in der Kreuzung
Faverolles X Gelbe Italiener.



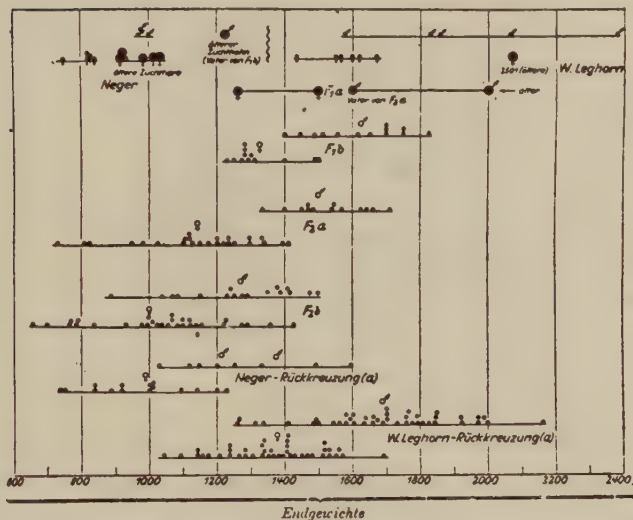
Aus den Ergebnissen zog die Autorin folgende Schlüsse:

- Das Schlupfgewicht ist vom Eigewicht abhängig.
- Das Schlupfgewicht ist erblich bedingt. Dies erkannte LAUTH aus der Neger X Leghorn-Kreuzung, wo es beim Schlupf öfter vorkam, daß bei den F_1 -Tieren in den Eischalen noch Eiweißreste zu finden waren, mit denen das Hühnchen nicht mehr fertig wurde.
- In beiden Kreuzungen ergab sich nichts sicheres über den Erbgang des Schlupfgewichtes, doch die gefundenen Daten deuteten auf Dominanz des schnellen Wachstums, des hohen Schlupfgewichtes und der besseren Eiausnutzung hin.

II. Wüchsigkeit bis zum Alter von 7 Monaten:

Das Endgewicht wurde im Alter von sieben Monaten festgestellt. Die Vererbung der Endgewichte in den einzelnen Generationen erbrachte bei der Kreuzung Leghorn X Neger folgendes Ergebnis (Abb. 23):

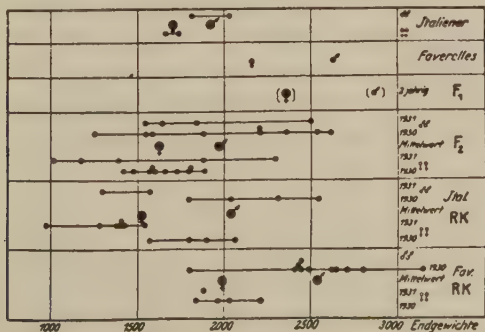
Abb. 23 Endgewicht in den einzelnen Generationen der Kreuzung Leghorn X Neger (in g).



Die gefundenen Werte deuten auf unvollständige Dominanz des hohen Endgewichtes über das niedrige hin. Die F_2 -Generation zeigte eine auffallende, mit den Dominanzverhältnissen der F_1 -Generation nicht in Einklang zu bringende Verschiebung nach der kleinen Rasse. Bei beiden Rückkreuzungen entsprach das Ergebnis etwa den Erwartungen. Zwischen den reziproken Kreuzungen schienen keine großen Unterschiede zu bestehen.

Bei der Kreuzung Faverolles X Italiener fand LAUTH dieselben Ergebnisse wie bei der Kreuzung Leghorn X Neger (Abb.24):

Abb. 24 Endgewicht in den einzelnen Generationen der Kreuzung Faverolles X Italiener (in g).



Die Autorin stellte folgende Theorie der Vererbung des Körpergewichtes auf:

"Bei der Kreuzung zwischen einer Rasse G mit hohem Körpergewicht und einer Rasse K mit niedrigem Körpergewicht sei der Gewichtsunterschied durch drei autosomale, nicht gekoppelte Faktorenpaare bedingt. Die Rasse K sei von der genetischen Konstitution $\frac{abC}{abC}$, die Rasse G $\frac{ABc}{ABc}$. A und B seien dominante Faktoren für hohes Gewicht, C ein dominanter Faktor für niedriges Gewicht, aa und bb bewirken homozygot ebenfalls niedriges Gewicht, während cc ohne Einfluß ist." "Nun sei die Richtung der Kraft C entgegengesetzt zu A und B, der Wirkungsgrad stärker. Folgende Kräfteverteilungen und -richtungen können vorkommen."

$$\begin{array}{llll} cc & = & 0 & C = -1 \quad CC = -2 \\ aa & = & -1 & A = 0 \quad AA = +1 \\ bb & = & -1 & B = 0 \quad BB = +1 \\ & & & AB = +1 \end{array}$$

Die gewählten Zahlenwerte sind additiv zu verrechnen. "Als numerische Fixpunkte sind anzunehmen: Das Gewicht der kleinen Rasse K, der großen Rasse G und das der F_1 -Generation. Die F_1 -Tiere haben die Erbformel $\frac{ABc}{abC}$, sie stellt den Wirkungsmittelpunkt zwischen K und G dar, der jedoch nicht mit dem arithmetischen Mittel zwischen K und G übereinzustimmen braucht. Es wird hier sogar näher an G liegen, wenn nach obiger Aufstellung für die Rasse K der Wert -4, für die Rasse G +2 und für die F_1 -Klasse der Wert 0 gilt. Die zu erwartende F_2 -Generation zeigt die in der unten angeführten Abbildung 25 dargestellte Aufspaltung in sieben Größenklassen:"

Wert: -4)	Rasse K
-3)	
-2)	etwas größere Zwischengruppe
-1)	
0)	F_1 -Typen
+1)	
+2	Rasse G

Abb. 25 Theoretische Aufspaltung in der F_2 -Generation.



Übereinstimmend zwischen diesem theoretischen Beispiel und dem im Versuch gewonnenen Zahlenmaterial war

1. die Lage der F_1 -Generation
2. die Asymmetrie der F_2 -Verteilung sowie das Fehlen von extrem großen Varianten
3. Lage und Verteilung in beiden Rückkreuzungen

In der Kreuzung Faverolles X Gelbe Italiener schien "die Zahl der unterscheidenden Erbfaktoren geringer zu sein. Vielleicht war das niedrige Endgewicht der Italiener sogar nur bifaktoriell bedingt und dominant gegenüber dem höheren Faverolles-Gewicht. Die relative Häufigkeit der Größenvarianten sowie die Mittelwerte für die F_2 - Generation und Rückkreuzungen als auch die große Streuung ließen diese Deutung zu." Wegen des geringen Materials ist dieser Schluß jedoch relativ unsicher.

2. Vererbung des Eigewichts

Auf die Vererbung der Eigewichte hin wurde die Kreuzungsgruppe Leghorn X Neger geprüft (Tab. 16):

Tab. 16 Mittlere Eigewichte in der Kreuzung
Leghorn X Neger (in g).

Generation	M	m wenn n = Anzahl der Hennen!	σ	m wenn n = Anzahl der Eier!	σ	Bemerkungen
Rein Leghorn	58,77					Alle 2 Eier von 1931
Q 2501	63,53			$\pm 0,243$	$\pm 2,50$	1930 + 31
Rein Neger	39,56			$\pm 0,282$	$\pm 3,06$	Alle 1-jährig (1930 + 1931)
F ₁ a aus ♂ Leghorn x Q Neger	41,66			$\pm 0,217$	$\pm 2,69$	1930
F ₁ b ♂ Neger x Q Legh.	46,41 ₄			$\pm 0,064$	$\pm 3,90$	Im 1. Jahr (1931)
	48,60	$\pm 0,622$	$\pm 1,393$	M = 48,634 $\pm 0,164$	$\pm 2,962$	Im 2. Jahr
F ₁ a	45,72	$\pm 0,508$	$\pm 2,77$	M = 46,21 $\pm 0,041$	$\pm 3,623$	Im 1. Jahr (1931)
F ₁ b	43,37	$\pm 0,52$	$\pm 2,15$			Im 1. Jahr (1932)
Legh.-R.-K. Q L x ♂ F ₁ a	47,45 51,00	$\pm 0,559$	$\pm 3,49$	M = 47,63 $\pm 0,604$	$\pm 4,947$	Zucht 1930 von Q 2501 Zucht 1934 v. 6 Legh. Q Q Alles 1. Jahr
Neger-R.-K. Q N x ♂ F ₁ a	42,10 44,75	$\pm 0,922$	$\pm 2,61$	M = 42,07 $\pm 0,371$	$\pm 4,95$	Zucht 1930 Eier 1931 Zucht 1931 Eier 1932

	Ergewicht der gezeugten Kühe	Schlupfgewicht I	Schlupfgewicht II	$\frac{\text{Schlupfgewicht}}{\text{Ergewicht}}$ $\frac{I}{II}$	$\frac{Q_3}{Q_2}$	$\frac{Q_3}{Q_1}$	$\frac{Q_3}{Q_2}$	$\frac{Q_3}{Q_1}$	$\frac{Q_3}{Q_2}$	$\frac{Q_3}{Q_1}$
Leghorn	62,75 ± 1,15 n = 3,63	41,15 ± 0,87 n = 3,07	0,6557 ± 0,0068 n = 0,0847	946 ± 71 n = 1,88	853 (n = 2) n = 3,92	22,7 ± 1,1 n = 3,92	21,2 ± 1,2 n = 26,8	2035 ± 12 n = 26,8	1672,5 ± 12 n = 26,8	47,6 ± 4,9 n = 11,01
Neger	38,40 ± 1,03 n = 2,52	24,40 ± 0,58 n = 2,11	0,6757 ± 0,0113 n = 0,0278	—	—	—	—	—	—	—
1929	~ 38 - 40	—	—	—	—	—	—	—	—	—
F ₁ ^a	63,75 ± 0,96 n = 5,43	41,61 ± 0,82 n = 2,87	0,6525 ± 0,0080 n = 0,0445	865 ± 21,7 n = 83,9	810 ± 24,2 n = 83,7	20,7 ± 0,64 n = 2,38	20,1 ± 0,78 n = 2,71	1625 ± 34 n = 138	1324 ± 25 n = 86	36,5 ± 0,87 n = 3,12
F ₂ ^a	41,92 ± 0,98 n = 2,45	27,06 ± 0,262 n = 1,59	0,6693 ± 0,0056 n = 0,0430	769,1 ± 28 n = 112	588 ± 29 n = 151	28,01 ± 1,36 n = 5,26	20,9 ± 1,12 n = 5,83	1501 ± 39,4 n = 147,3	1147 ± 36,6 n = 179,5	53,1 ± 2,16 n = 7,8
1931	48,08 ± 0,29 n = 3,20	32,46 ± 0,17 n = 2,60	0,6766 ± 0,0027 n = 0,0150	602 ± 31 n = 735	495 ± 17 n = 96	18,06 ± 0,93 n = 3,71	15,3 ± 0,56 n = 3,56	1271 ± 46 n = 173	1000 ± 34,3 n = 173	38,8 ± 1,27 n = 4,75
Leghorn Rückkr.	61,88 ± 0,80 n = 1,97	40,00 ± 0,74 n = 1,80	0,6471 ± 0,0094 n = 0,0230	844 (735)	844 ± 62,1 n = 3	21,5 (17,7)	21,5	—	—	—
Leghorn Rückkr.	65,79 ± 0,61 n = 4,72	38,61 ± 0,28 n = 3,30	0,6031 ± 0,0045 n = 0,015	773 ± 24,4 n = 163,5	675 ± 19,2 n = 116,9	19,8 ± 1,28 n = 8,62	17,6 ± 1,05 n = 6,30	1690 ± 20,1 n = 136	1378 ± 22,3 n = 136	43,4 ± 0,89 n = 5,82
Neger Rückkr.	48,70 ± 0,77 n = 3,11	25,88 ± 0,35 n = 2,47	0,6744 ± 0,0024 n = 0,0106	585 ± 84,4 n = 106,8	493 ± 34,8 n = 85,2	22,7 ± 4,07 n = 8,13	20,4 ± 1,9 n = 4,2	1377 ± 98,1 n = 100,5	979 ± 123,1 n = 123,1	36,7 ± 6,52 n = 1,12
1930/1	39,59 ± 0,17 n = 2,86	26,79 ± 0,34 n = 2,51	0,674 ± 0,0076 n = 0,0316	925 ± 72,7 n = 103	447 ± 23,3 n = 60,9	17,7 ± 2,35 n = 6,27	16,3 ± 0,69 n = 1,00	1312 ± 70,4 n = 1,68	997 ± 83,5 n = 230	41,1 ± 2,09 n = 4,60

G₁₀₀ = Körpergewicht am 100. Lebenstag

E = Endgewicht (im Alter von sieben Monaten)

W₁₀₀ = Wüchsigkeitsziffer am 100. LebenstagW_E = Wüchsigkeitsziffer des Endgewichtes

Tab. 18

Alle untersuchten Daten der Kreuzung Faverolles x Italiener

Kreuzung	Schlupf- gewicht $\bar{x}$	G_{100} $\delta\delta$	G_{100} $\varnothing\varnothing$	W_{100} $\delta\delta$	W_{100} $\varnothing\varnothing$	E $\delta\delta$	E $\varnothing\varnothing$	W_E $\delta\delta$	W_E $\varnothing\varnothing$
P Faverolles (Kontrollen)	39,05 $\pm 0,90$ $\sigma = \pm 2,83$	1000	980	38,8	25,8	2630	2160 2-3jähr. Zucht. 3400	63,8	56,8
P Italiener (Kontrollen)	40,58 $\pm 1,40$ $\sigma = \pm 3,42$	780	770	18,6	18,3	1917,5	1705 2-3jähr. Zucht. 2100	45,75	40,6
F_1	(ca. 40)	—	—	—	—	< 2jähr. Zucht δ 1700 2200 2300 2860 2900 2900	< 2jähr. Zucht. 1700 2200 2300 2860 2900 2900	—	—
F_2	43,55 $\pm 0,44$ $\pm 4,30$ $\sigma = \pm 3,12$	879 $\pm 75,5$ $\sigma = \pm 302$	822 $\pm 45,6$ $\sigma = \pm 209$	21,14 $\pm 1,88$ $\sigma = \pm 7,54$	19,22 $\pm 1,17$ $\sigma = \pm 5,22$	1966 ± 119 $\sigma = \pm 431$	1620 $\pm 78,2$ $\sigma = \pm 302,5$	46,9 $\pm 2,66$ $\sigma = \pm 9,58$	38,0 $\pm 2,2$ $\sigma = \pm 8,5f$
Faverolle- Rückkreuzung	39,54 $\pm 0,625$ $\sigma = \pm 3,12$	1124 $\pm 49,4$ $\sigma = \pm 164$	880 $\pm 66,1$ $\sigma = \pm 148$	28,8 $\pm 1,59$ $\sigma = \pm 5,29$	22,7 $\pm 2,38$ $\sigma = \pm 5,32$	2540 $\pm 94,4$ $\sigma = \pm 313$	1987 $\pm 57,8$ $\sigma = \pm 129$	65,1 $\pm 2,82$ $\sigma = \pm 9,35$	52,48 $\pm 4,36$ $\sigma = \pm 9,74$
Italiener Rückkreuzung	41,945 $\pm 0,43$ $\sigma = \pm 3,41$	927 ± 111 $\sigma = \pm 272$	668 $\pm 52,3$ $\sigma = \pm 188$	21,05 $\pm 2,54$ $\sigma = \pm 6,23$	15,66 $\pm 1,4$ $\sigma = \pm 3,75$	2054 ± 156 $\sigma = \pm 349$	1522 $\pm 87,7$ $\sigma = \pm 291$	43,9 $\pm 3,20$ $\sigma = \pm 7,15$	35,7 $\pm 1,77$ $\sigma = \pm 5,86$

 G_{100} = Körpergewicht am 100. Lebenstag

E = Endgewicht (im Alter von sieben Monaten)

 W_{100} = Wüchsigkeitsziffer am 100. Lebenstag W_E = Wüchsigkeitsziffer des Endgewichtes

Die F_{1a} -Generation, deren Mutter eine Negerhenne und deren Vater ein Leghorn war, zeigte, daß das niedrige Eigewicht fast vollständig dominant war über das hohe Eigewicht (fast 80 Prozent Differenz). Die reziproke F_{1b} -Generation jedoch verhielt sich fast intermediär (60 prozentige Dominanz des kleinen Eies). Die F_2 -Mittelwerte wichen um etwa 3 g voneinander ab, und zwar im umgekehrten Verhältnis wie die F_1 -Generation; auch zeigten sie eine große Streuung. Zwischen dem Körpergewicht der Henne im Alter von sieben Monaten und dem Gewicht der später von ihr gelegten Eier bestand keine Korrelation.

In der Frage der Eigewichtsvererbung war der Autorin eine Deutung der vorliegenden numerischen Ergebnisse nicht gelungen. Es schien, daß die Vorfahren der F_{1b} -Kreuzung, die nicht selbst gezogen, sondern von anderer Seite übernommen wurden, nicht völlig erbgleich waren mit den Tieren, die die Autorin selbst zur Zucht verwendet hatte. Die Neger als Sporthühner sind im allgemeinen auf Schönheitsmerkmale gut durchgezüchtet, nicht aber auf Nutzeigenschaften, wie z.B. Eigewicht, so daß es denkbar ist, daß gerade für dieses Merkmal in den verschiedenen Zuchtstämmen verschiedene Gene enthalten waren.

Folgendes Ergebnis stellt LAUTH sicher fest:

"Das kleine Eigewicht ist bei den von mir verwendeten Rassen mehr oder weniger dominant und wird wahrscheinlich polyfaktoriell vererbt."

In den Tabellen 17 und 18 sind alle untersuchten Merkmale der Kreuzungen Leghorn X Neger und Faverolles X Italiener zusammengefaßt:

Zwischen niedrigem Körpergewicht und Seidenfiedrigkeit sowie zwischen niedrigem Eigewicht und Seidenfiedrigkeit konnte eine Korrelation aufgezeigt werden, die vielleicht darauf hindeutet, daß ein Gewichtsgen und bzw. oder ein Eigrößengen im gleichen Chromosom liegt wie das Gen für Seidenfiedrigkeit.

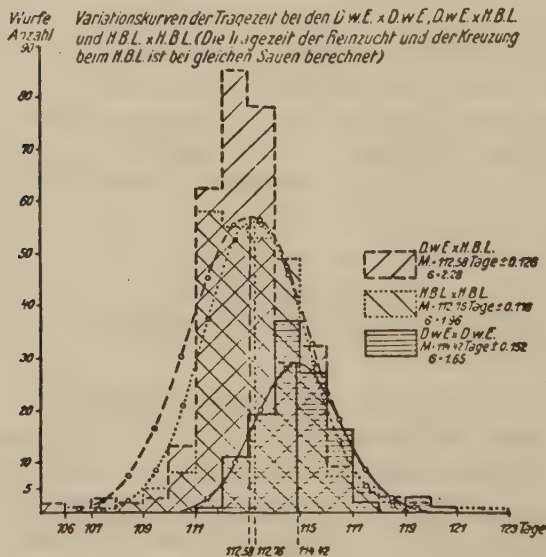
DSCHAPARIDSE, D. (1936) untersuchte die Vererbung der Tragzeit, der Fruchtbarkeit, der körperlichen Merkmale der Ferkel bei der Geburt und die Entwicklung der Ferkel in den ersten vier Lebenswochen an der Kreuzung Hannover-braunschweigisches Landschwein (HBL) X Deutsches weißes Edelschwein (DwE) in der ersten Kreuzungsgeneration.

Insgesamt standen 558 Kreuzungswürfe, 338 Reinzuchtwürfe des HBL und 118 Reinzuchtwürfe des DwE zur Verfügung.

1. Tragzeit

Die Tragzeit beim reinrassigen HBL betrug im Mittel 112,83 Tage (338 Würfe), beim DwE 114,42 Tage (118 Würfe) und bei den Kreuzungswürfen 112,26 Tage (558 Würfe). Um Wirkungen der unterschiedlichen Tragzeit von einzelnen Sauen auszuschalten, wurden im folgenden nur die Tragzeiten derjenigen Sauen gegenübergestellt, von denen einmal in Anpaarung mit DwE-Ebern und zum anderen mit HBL-Ebern mindestens je ein Vergleichswurf vorlag. Man fand folgende Verteilung der Tragzeitlänge (Abb. 26):

Abb. 26



Die Tragzeit der Kreuzungstiere lag zwischen der der Ausgangsrassen mit starker Annäherung an das HBL. Zudem nahm der Autor an, daß die Tragzeit eine Eigenschaft des Muttertieres ist und der Vater keinen Einfluß ausübt.

2. Fruchtbarkeit

Die Fruchtbarkeit, ausgedrückt in der Anzahl Ferkel pro Wurf, ergab folgende Werte (Tab. 19):

Tabelle 19 Die Fruchtbarkeit

	Würfe Anzahl	H.B.L. X H.B.L. 338	D.w.E. X H.B.L. 558	D.w.E. X D.w.E. 30
Ferkelanzahl		8,00	7,94	9,67
%	100		99,75	120,88

Die Fruchtbarkeit der F_1 -Tiere war praktisch gleich der Fruchtbarkeit der reinrassigen HBL-Tiere. Der Eber hatte keinen Einfluß auf die Fruchtbarkeit.

3. Das Wurfgewicht und das Einzelgewicht der Ferkel bei der Geburt war folgendes (Tab. 20):

Tabelle 20 Das Wurfgewicht und das Einzelgewicht der Ferkel.

	Würfe Anzahl	H.B.L. X H.B.L. 338	D.w.E. X H.B.L. 558	D.w.E. X D.w.E. 30
Wurfgewicht in kg		9,41	10,17	11,53
%	100		108,08	122,53
Ferkelanzahl		704	4453	290
Ferkelgewicht in kg		1,15	1,26	1,23
%	100		109,75	106,96

Das Wurfgewicht der Kreuzungstiere lag zwischen dem der Elternrassen. Das Geburtsgewicht der einzelnen Ferkel bei den F_1 -Tieren überstieg das der Ausgangsrassen. Vergleich man die Geburtsgewichte der Ferkel von den Sauen, von denen einmal in Anpaarung mit den DwE-Ebern und zum anderen mit den HBL-Ebern mindestens je ein Vergleichswurf vorlag, fand man, daß das Geburtsgewicht bei den F_1 -Tieren zwischen dem der Elternrassen lag (Tab. 21):

Tabelle 21 Geburtsgewicht der Ferkel (gleiche Sauen, verschiedene Eber)

	H.B.L.	D.w.E. X H.B.L.	D.w.E.
Ferkel, Anzahl	1129	939	290
Geburtsgewicht in kg	1,15	1,17	1,23

Dies zeigt auch, daß der Eber einen Einfluß auf das Geburtsgewicht hat.

4. Körpermaße

Die einzelnen Körpermaße wurden bis spätestens 24 Stunden nach der Geburt gemessen (Tab. 22):

Tabelle 22 Verschiedene Körpermaße

Würfe	H.B.L. X H.B.L.		D.w.E. X H.B.L.		D.w.E. X D.w.E.	
Individuenzahl	♂ (16)	♀ (8)	♂ (29)	♀ (29)	♂ (131)	♀ (130)
Widerristhöhe in cm	16,5	16,3	16,5	16,1	15,8	15,6
Rumpflänge in cm	17,8	17,6	18,9	18,8	17,6	17,4
Röhrbeinumfang in cm	4,9	5,1	5,6	5,6	5,5	5,5
Kopflänge in cm	10,6	10,1	9,4	9,2	8,0	9,0
Stirnbreite in cm	4,4	4,4	4,3	4,5	5,0	4,9
Brusttiefe in cm	7,3	7,4	7,5	7,8	7,8	7,1
Brustbreite in cm	5,4	5,7	5,8	6,2	6,1	5,8
Brustumfang in cm	22,3	22,8	23,6	24,0	23,8	23,6
Umdreherbreite in cm	4,4	4,7	5,4	5,7	5,2	5,2

Die Widerristhöhe der F_1 -Tiere näherte sich derjenigen der größeren Rasse. Die Rumpflänge und der Röhrbeinumfang der Kreuzungstiere übertraf die der Elternrassen.

Die Kopflänge der F_1 -Generation verhielt sich intermediär.

Die Stirnbreite der Ausgangsrassen stand im umgekehrten Verhältnis zur Kopflänge. In der F_1 -Generation lag die Stirnbreite zwischen den Elternrassen, näherte sich aber mehr der geringen Stirnbreite des HBL an.

Die Brustmaße der F_1 -Tiere lagen zwischen denen der Eltern, näherten sich aber stark der Elternrasse mit dem größeren Maß an.

Die Mittelwerte der Umdreherbreite der ersten Kreuzung übertrafen die ihrer elterlichen Rassen.

5. Entwicklung der Ferkel bis zur vierten Lebenswoche

Für die Wurfgröße am 28. Lebenstag ergaben sich folgende Werte (Tab. 23):

Tabelle 23 Wurfgröße am 28. Lebenstag

Würfe	H.B.L. X H.B.L.		D.w.E. X H.B.L.		D.w.E. X D.w.E.	
Anzahl	338		558		26808	
Verbliebene Ferkelzahl	7,32		7,53		7,45	
%	91,5		94,4		77,8	

Dabei zeigten die Kreuzungstiere einen geringeren Ferkelverlust als die Elternrassen.

Um das Aufzuchtvermögen, vor allem die Säugeleistung, der Mütter der Reinzuchten und der Kreuzungen gleichzustellen, wurde das Wurf- und Einzelgewicht am 28. Lebenstag in den Würfen festgestellt, von denen einmal in Anpaarung mit den DWE-Ebern und zum anderen mit den HBL-Ebern mindestens je ein Vergleichswurf vorlag (Tab. 24):

Tabelle 24 Wurf- und Einzelgewicht der Ferkel am 28. Lebenstag
(gleiche Sauen, verschiedene Vätertiere).

Würfe Anzahl	H.B.L. X H.B.L. 133	D.w.E. X H.B.L. 114	D.w.E. X H.B.L. 26808
Wurfgewicht in kg	40,59	42,48	46,11
%	100	104,66	113,60
Ferkelanzahl	1008	872	199720
Ferkelgewicht in kg	4,85	5,55	6,19
%	100	116,91	127,63
Ferkelanzahl	7,58	7,65	7,45
%	100	100,92	98,29

Die F_1 -Tiere nahmen eine intermediäre Stellung zwischen den Ausgangsrassen ein.

Die Zunahme der Ferkel in den ersten 4 Wochen hängt vom Wurf- bzw. Geburtsgewicht ab. Deshalb wurden die mittleren Zunahmen der Ferkel bei den Würfen der Sauen berechnet, die abwechselnd, d.h. einmal in Reinzucht, ein andermal in Kreuzung, mit dem DWE-Eber gepaart wurden (Tab. 25):

Tabelle 25 Die Zunahme der Ferkel innerhalb der 4. Lebenswoche
(gleiche Sauen, verschiedene Vätertiere).

Würfe	H.B.L. X H.B.L.	D.w.E. X H.B.L.	D.w.E. X D.w.E.
Ferkelanzahl	1008	872	290
Zunahme in kg	3,70	4,38	4,96
Zunahme in %	100	118,38	134,05

Im Merkmal "Entwicklung der Ferkel in den ersten vier Lebens-
wochen" verhielten sich die F_1 -Kreuzungstiere intermediär.

Untersuchungen über die Vererbung der Trächtigkeitsdauer, des
Geburtsgewichtes und der Zitzenzahl beim Schwein führten
SCHMIDT, J., LAUPRECHT, E. und STRAUBESAND, H. (1936) durch.

1. Trächtigkeitsdauer

Es standen 337 Würfe zur Verfügung. Die mittlere Trächtigkeits-
dauer betrug im vorliegenden Material beim veredelten Land-
schwein $114, 1 \pm 0,13$ Tage, beim Berkshireschwein $115,4$
 $\pm 0,25$ Tage, beim Middle-White Schwein $112,0 \pm 0,58$ Tage
und beim schwäbisch-hällischen Schwein $114,8 \pm 0,79$ Tage.
Eine Beziehung zwischen der Trächtigkeitsdauer einerseits
und der Wurfgröße, der Wurfnummer oder dem Abferkelmonat
andererseits ließ sich nicht feststellen. Die Untersuchungen
ergaben folgende mittlere Tragzeitauern der einzelnen
Rassen und Kreuzungen (Tab. 26):

Tab. 26

Mittlere Tragzeitdauer der einzelnen Rassen und Kreuzungen (in Tagen).

P_a	R_a	F_1	F_2	R_b		P_b
WS $\times$ WS 120-140	WS $\times$ WS VL 120,0 ⁽⁶⁾	WS $\times$ VL 118,0 ⁽⁶⁾		WS/VL $\times$ VL 116,3 ⁽⁶⁾		VL $\times$ VL 114,1 ⁽⁸⁷⁾
WS $\times$ WS 120-140	WS $\times$ WS BS 119,7 ⁽⁶⁾	WS $\times$ BS 117,3 ⁽⁶⁾		WS/BS $\times$ BS 115,3 ⁽⁶⁾	(WS/BS $\times$ BS) $\times$ BS (WS/BS $\times$ BS) $\times$ BS 116,0 ⁽²⁾ 115,0 ⁽¹⁾	BS $\times$ BS 115,4 ⁽²⁶⁾
WS $\times$ WS 120-140	WS $\times$ WS SH 120,0 ⁽⁶⁾	WS $\times$ SH 116,5 ⁽²⁾	WS SH $\times$ WS, SH 118,5 ⁽²⁾			SH $\times$ SH 114,8 ⁽⁶⁾
WS $\times$ WS 120-140		WS $\times$ HB 115,0 ⁽¹⁾				HB $\times$ HB 113,2 ⁽²¹⁾
VL $\times$ VL 114,1 ⁽⁸⁷⁾	VL $\times$ VL SH (110,3 ⁽⁷⁾) 114,5 ⁽²⁾	VL $\times$ SH 114,0 ⁽³⁾				SH $\times$ SH 114,8 ⁽⁶⁾
VL $\times$ VL 114,1 ⁽⁸⁷⁾	VL $\times$ VL MW 113,0 ⁽¹⁾	VL $\times$ MW 111,3 ⁽⁶⁾		VL/MW $\times$ MW 112,5 ⁽²⁾		MW $\times$ MW 112,0 ⁽³⁾ (114,0 ⁽⁸⁹⁾)
VL $\times$ VL 114,1 ⁽⁸⁷⁾	VL $\times$ VL HS 113,5 ⁽²⁾	VL $\times$ HS 112,7 ⁽⁶⁾		VL HS $\times$ HS 113,0 ⁽¹⁾		HS $\times$ HS —
MW $\times$ MW 112,0 ⁽³⁾ (114,0 ⁽⁸⁹⁾)	MW $\times$ MW/SH 114,0 ⁽¹⁾	MW $\times$ SH 114,0 ⁽¹⁾				SH $\times$ SH 114,8 ⁽⁶⁾
MW $\times$ MW 112,0 ⁽³⁾ (114,0 ⁽⁸⁹⁾)	MW $\times$ MW HB 111,5 ⁽²⁾	MW $\times$ HB 110,0 ⁽¹⁾	MW HB $\times$ MW, HB 115,0 ⁽¹⁾	MW/HB $\times$ HB 112,5 ⁽²⁾		HB $\times$ HB 113,2 ⁽²¹⁾
HB $\times$ HB 113,2 ⁽²¹⁾		HB $\times$ HS 113,0 ⁽¹⁾				HS $\times$ HS —
VL $\times$ VL 114,1 ⁽⁸⁷⁾	VL $\times$ VL/BS 116,0 ⁽¹⁾	VL $\times$ BS 114,9 ⁽²⁹⁾		VL/BS $\times$ BS 117,5 ⁽²⁾		BS $\times$ BS 115,4 ⁽²⁶⁾
SH $\times$ SH 114,8 ⁽⁶⁾		SH $\times$ BS 113,8 ⁽¹⁾		SH/BS $\times$ BS 115,7 ⁽⁶⁾		BS $\times$ BS 115,4 ⁽²⁶⁾
MW $\times$ MW 112,0 ⁽³⁾ (114,0 ⁽⁸⁹⁾)		MW $\times$ BS 113,5 ⁽⁶⁾				BS $\times$ BS 115,4 ⁽²⁶⁾
HS $\times$ HS —		HS $\times$ BS 114,5 ⁽²⁾				BS $\times$ BS 115,4 ⁽²⁶⁾

*) 2 verschiedene Deckkaten; wahrscheinlich ist die längere Tragzeitdauer richtig.

Erklärung der Abkürzungen: BS = Berkshire-Schwein, HB = Hann.-Braunschweig. Landschwein, HS = Hampshire-Schwein, MW = Middle-
White, SH = Schwäbisch-Hällisches Schwein, VL = Deutsches veredeltes Landschwein, WS = Wildschwein.

Bei der Kreuzung zwischen dem Wildschweineber und Sauen der Kulturrassen hatten die F_1 -Tiere eine um 2 - 4 Tage längere durchschnittliche Tragzeit als die Kulturrassen. Rückkreuzungen der F_1 -Bastarde mit dem Wildschwein ergaben eine etwas längere Tragzeit als bei der F_1 -Generation, Rückkreuzungen mit den Kulturrassen eine etwas kürzere. Allgemein deuteten die Ergebnisse der Kreuzung Wildschwein X Kulturrassen auf einen intermediären Erbgang hin.

Bei den Kreuzungen der Kulturrassen untereinander trat ein so klares Ergebnis nicht ein. Dies lag zum einen daran, daß die mittleren Tragzeiten der gekreuzten Rassen und der Kreuzungsprodukte wegen der geringen Anzahl von Würfen nur ungenau bestimmt werden konnten; zum anderen lag es daran, daß die Differenzen zwischen den einzelnen Kulturrassen sehr gering waren.

Um den Einfluß des Ebers auf die Trächtigkeitsdauer zu bestimmen, wurden die Fälle betrachtet, in denen einzelne Sauen Würfe von zwei verschiedenen Ebern aufwiesen. Dabei konnte man deutliche Erbunterschiede der Eber feststellen. Innerhalb einer Sauenfamilie wurde in mehreren Generationen eine deutliche Schwankungsbreite der Tragzeit festgestellt. Die Erbuntersuchung brachte dabei kein eindeutiges Ergebnis.

2. Ferkelgeburtsgewichte

Zur Untersuchung standen 330 Würfe mit 2508 Einzelferkelgewichten zur Verfügung. Die Einzelwerte wurden zu Gewichtsklassen von 100 g zusammengefaßt. Das mittlere Ferkelgewicht betrug im vorliegenden Material $1242 \pm 6,2$ g. Für das Deutsche veredelte Landschwein wurde das mittlere Geburtsgewicht mit $1310 \pm 9,0$ g, für das Berkshireschwein mit $1111 \pm 16,3$ g, für das Middle-White Schwein mit $1079 \pm 40,5$ g und für das schwäbisch-hällische Schwein mit $1295 \pm 29,8$ g ermittelt. An den veredelten Landschweinen des Materials ließen sich keine gesicherten Beziehungen zwischen dem Ferkelgeburtsgewicht einerseits und der Wurfgröße, der Wurfnummer, der Trächtigkeitsdauer oder der Jahreszeit andererseits feststellen.

Das mittlere Geburtsgewicht bei Kreuzungen verschiedener Rassen geht aus Tabelle 27 hervor:

Tab. 27

Mittleres Ferkelgeburtsgewicht der einzelnen Rassen und Kreuzungen (in Gramm).

P _a	R _a	F ₁	F ₂	R _b		P _b
WS × WS 903 ⁽⁶⁾	WS × WS/VL 926 ⁽¹⁷⁾	WS × VL 1195 ⁽²²⁾		WS, VL × VL 1160 ⁽³⁰⁾		VL × VL 1310 ⁽¹³¹⁵⁾
WS × WS 903 ⁽⁶⁾	WS × WS/BS 1150 ⁽¹⁵⁾	WS × BS 1100 ⁽²⁶⁾		WS, BS × BS 1017 ⁽²⁶⁾	(WS, BS × BS) × BS 1113 ⁽¹⁶⁾	BS × BS 1111 ⁽²⁰⁶⁾
WS × WS 903 ⁽⁶⁾	WS × WS/SH 1139 ⁽³⁷⁾	WS × SH 954 ⁽²⁶⁾	WS, SH × WS/SH 1270 ⁽¹⁵⁾			SH × SH 1295 ⁽⁵⁶⁾
WS × WS 903 ⁽⁶⁾		WS × HB 1150 ⁽⁹⁾				HB × HB 820 ⁽⁸¹⁾
VL × VL 1310 ⁽¹³¹⁵⁾	VL × VL/SH 1181 ⁽¹⁶⁾	VL × SH 1064 ⁽³⁷⁾				SH × SH 1295 ⁽⁵⁶⁾
VL × VL 1310 ⁽¹³¹⁵⁾	VL × VL/MW 1000 ⁽⁶⁾	VL × MW 1235 ⁽⁴¹⁾		VL, MW × MW 1050 ⁽¹²⁾		MW × MW 1079 ⁽²¹⁾
VL × VL 1310 ⁽¹³¹⁵⁾	VL × VL/HS 1257 ⁽¹⁵⁾	VL × HS 1131 ⁽²⁶⁾		VL, HS × HS 1150 ⁽⁹⁾		HS × HS
MW × MW 1079 ⁽²¹⁾	MW × MW/SH 906 ⁽⁶⁾	MW × SH 1025 ⁽⁶⁾				SH × SH 1295 ⁽⁵⁶⁾
MW × MW 1079 ⁽²¹⁾	MW × MW/HB 1145 ⁽²²⁾	MW × HB 1130 ⁽¹⁰⁾	MW, HB × MW/HB 1161 ⁽²⁴⁾	MW, HB × HB 1227 ⁽¹³⁾		HB × HB 820 ⁽⁸¹⁾
HB × HB 820 ⁽⁸¹⁾		HB × HS 1217 ⁽⁹⁾				HS × HS
VL × VL 1310 ⁽¹³¹⁵⁾	VL × VL/BS 1339 ⁽⁹⁾	VL × BS 1312 ⁽²⁴⁴⁾		VL, BS × BS 1400 ⁽¹⁴⁾		BS × BS 1111 ⁽²⁰⁶⁾
SH × SH 1295 ⁽⁵⁶⁾		SH × BS 1229 ⁽²⁶⁾		SH, BS × BS 1194 ⁽²⁵⁾		BS × BS 1111 ⁽²⁰⁶⁾
MW × MW 1079 ⁽²¹⁾		MW × BS 1134 ⁽²⁷⁾				BS × BS 1111 ⁽²⁰⁶⁾
HS × HS		HS × BS 1159 ⁽¹¹⁾		HS, BS × BS 728 ⁽⁹⁾		BS × BS 1111 ⁽²⁰⁶⁾

Wie aus der Tabelle 27 ersichtlich, ist das Material unvollständig. Immerhin ließ sich in Anbetracht der Ergebnisse der Kreuzungen zwischen Wildschwein und Hausschwein die Vermutung aussprechen, daß es sich hierbei um intermediäre Vererbung handelte, da die Werte der F₁-Tiere höher als beim Wildschwein, aber tiefer als bei den Kulturrassen lagen. Die Rückkreuzungen ließen keine einheitliche Richtung erkennen. Die Zuchteber beeinflussten das mittlere Geburtsgewicht der von ihnen erzeugten Würfe erheblich. Ein bestimmter Erbgang des Geburtsgewichtes beim Vergleich der einzelnen Generationen einer Sauenfamilie konnte nicht nachgewiesen werden.

3. Zitzenzahl

2694 Tiere verschiedener Rassen wurden der Untersuchung der Vererbung der Zitzenzahl zugrundegelegt. Die mittlere Zitzenzahl aller Rassen des vorliegenden Materials betrug $12,44 \pm 0,028$ Zitzen. Für die einzelnen Rassen ergaben sich im Mittel folgende

Werte: Veredeltes Lanschwein $12,54 \pm 0,085$, Berkshire $12,54 \pm 0,085$ und schwäbisch-hällisches Schwein $13,64 \pm 0,123$ Zitzen.

Das Wildschwein hatte stets zehn Zitzen. Die rechte Körperseite wies öfter, mehr normale Zitzen auf als die linke.

Die Zitzenzahl der Nachkommen des Wildschweinebers bei verschiedener Zitzenanzahl ihrer Mütter ist in der Tabelle 28 dargestellt:

Tab. 28

Zitzenanzahl der Nachkommen des Wildschweinebers bei verschiedener Zitzenanzahl ihrer Mütter.

		Zitzenanzahl der Sau				
		10	11	12	13	14
Zitzenzahl der Ferkel	9			1		1
	10	21	9	13		57
	11		2	5		15
	12			1		10
	13					—
	14				1	1
		21	11	20	—	84

Aus der Tabelle wird ersichtlich, daß die geringe Zitzenzahl des Wildschweines (10 Zitzen) umso häufiger auftrat, je weniger Zitzen die angepaarten Sauen aufwiesen.

Vergleicht man das Ergebnis von Wildschweinkreuzungen mit Sauen mit verschiedenen Zitzenzahlen (Tab. 28) mit den Ergebnissen von Kreuzungen Wildschwein X Kulturrasse (Tab. 29), so wird bestätigt, daß die geringe Zitzenzahl zehn des Wildschweines umso häufiger auftrat, je niedriger die Zitzenzahl bei der anderen Elternrasse im Mittel war und je mehr Anlagen vom Wildschwein bei den Rück- und Verdrängungskreuzungen der andere Elter hatte. Umgekehrt wurde die Streubreite der auftretenden Zitzenkombinationen umso größer, je weniger Erbanlagen vom Wildschwein die Elternpaare hatten. Bei der Kreuzung von Kulturrassen untereinander schien sich die Zitzenzahl im großen und ganzen intermediär zu verhalten. Das relativ kleine Material ließ dabei keine eindeutigen Rückschlüsse zu.

Verschiedene Eber beeinflussten die Zitzenzahl bei den Nachkommen derselben Sau deutlich.

Tab. 29

Mittlere Zitzenanzahl von reinen Rassen und Kreuzungen.

P _a	R _a	F ₁	F ₂	R _b		P _b
WS > WS 10,00	WS > WS/VL 10,00 ⁽⁹⁾	WS > VL 10,18 ⁽²²⁾		WS/VL > VL 11,20 ⁽³⁰⁾		VL > V 12,54 ⁽¹⁰²⁾
WS > WS 10,00	WS > WS/BS 10,00 ⁽¹⁴⁾	WS > BS 10,31 ⁽²⁶⁾		WS/BS > BS 11,10 ⁽²⁵⁾	(WS, BS > BS) > BS 12,06 ⁽¹⁶⁾	BS > BS 12,54 ⁽¹⁰⁴⁾
WS > WS 10,00	WS > WS/SH 10,81 ⁽³⁷⁾	WS > SH 11,00 ⁽²⁶⁾	WS/SH > WS, SH 11,26 ⁽²³⁾			SH > SH 13,64 ⁽⁶⁴⁾
WS > WS 10,00		WS > HB 10,00 ⁽¹⁰⁾				HB > HB 13,64 ⁽⁶⁴⁾
VL > VL 12,54 ⁽¹⁵²⁶⁾	VL > VL/SH 12,56 ⁽¹⁶⁾	VL > SH 12,41 ⁽³⁷⁾				SH > SH 13,64 ⁽⁶⁴⁾
VL > VL 12,54 ⁽¹⁵²⁶⁾	VL > VL/MW 12,00 ⁽⁴⁾	VL > MW 12,80 ⁽⁴¹⁾		VL/MW > MW 12,17 ⁽¹²⁾		MW > MW 13,48 ⁽²¹⁾
VL > VL 12,54 ⁽¹⁵²⁶⁾	VL > VL/HS 12,47 ⁽¹⁵⁾	VL > HS 11,58 ⁽²⁹⁾		VL/SH > HS 11,89 ⁽⁹⁾		HS > HS 13,48 ⁽²¹⁾
MW > MW 13,48 ⁽²¹⁾	MW > MW/SH 12,22 ⁽⁹⁾	MW > SH 13,50 ⁽⁹⁾				SH > SH 13,64 ⁽⁶⁴⁾
MW > MW 13,48 ⁽²¹⁾	MW > MW/HB 13,41 ⁽²²⁾	MW > HB 12,70 ⁽¹⁰⁾	MW/HB > MW/HB 13,67 ⁽⁹⁾	MW/HB > HB 12,08 ⁽¹³⁾		HB > HB 13,64 ⁽⁶⁴⁾
HB > HB		HB > HS 11,44 ⁽⁹⁾				HS > HS 13,64 ⁽⁶⁴⁾
VL > VL 12,54 ⁽¹⁵²⁶⁾	VL > VL/BS 12,39 ⁽⁹⁾	VL > BS 12,65 ⁽²⁶¹⁾		VL/BS > BS 13,71 ⁽¹⁴⁾		BS > BS 12,54 ⁽¹⁰²⁾
SH > SH 13,64 ⁽⁶⁴⁾		SH > BS 12,93 ⁽²⁶⁾		SH/BS > BS 12,71 ⁽¹⁷⁾		BS > BS 12,54 ⁽¹⁰²⁾
MW > MW 13,48 ⁽²¹⁾		MW > BS 13,04 ⁽³⁷⁾				BS > BS 12,54 ⁽¹⁰²⁾
HS > HS		HS > BS 12,27 ⁽¹¹⁾		HS/BS > BS 12,89 ⁽⁹⁾		BS > BS 12,54 ⁽¹⁰²⁾

AXELSSON, J. (1938) versuchte die Variation und Erbllichkeit der Form von Hühnereiern aufzuklären. Zur Untersuchung der Schwankung der Eiform bestimmte der Autor zwei verschiedene Parameter:

$$1. \text{ Eiindex} = \frac{\text{Breite} \cdot 100}{\text{Länge}}$$

2. Spitzigkeit = Abweichung des Schnittpunktes der Querachse der größten Eibreite mit der Längsachse vom Mittelpunkt der Längsachse.

Folgende Rassen wurden gekreuzt: Weiße Leghorns, Rote Rhodeländer, Barneveldern. Der Mittelwert der Eiindices und Spitzigkeit der Ausgangsrassen wurde berechnet. Zwischen den drei Rassen konnte ein statistisch gesicherter Unterschied festgestellt werden. An Umwelteinflüssen untersuchte AXELSSON das Alter der Hühner und den Einfluß der Jahreszeit und fand, daß beide Parameter keinen Einfluß auf die Eiform haben. Im Versuch wurden reziproke Kreuzungen zwischen den drei erwähnten Rassen durchgeführt. Für jedes Tier wurde der Eiindex und die Spitzigkeit der 25 zuerst gelegten Eier festgestellt und der Durchschnitt berechnet.

1. Vererbung des Eiindex:

Es lag keine geschlechtsgebundene Vererbung vor, da zwischen den reziproken Kreuzungen kein Unterschied festgestellt wurde. Die reziproken Kreuzungen wurden daher zusammengefaßt (Tab. 30):

Tab. 30 Eiindices der verschiedenen Rassen in den untersuchten Generationen.

Generation	Durchschnittszahl des Index der Eier				M
	Leghorns	X rote Rhodeländer	X Barnevelder	X Leghorns	
P ₁	72,0	73,1	74,1	72,0	73,0
F ₁		72,3	73,7	73,1	73,0
FR ₂	72,4	72,5	73,5	74,3	73,0
F ₂		72,5	73,9	72,9	73,1

Der Index der F₁-Generation lag intermediär zwischen den Elternwerten. Der mittlere Eiindex der Ausgangsrasse, der F₁-Generation und der F₂-Generation war gleich. Dies deutete - lt. Autor- darauf hin, "daß Dominanz in diesen Kreuzungen nicht vorkam." Bei der Rückkreuzung von F₁-Tieren zu den Elternrassen wurde in der Regel ein intermediärer Index erhalten. Der Eiindex der F₂-Generation war in jeder Kreuzung dem der F₁-Generation nahezu gleich. Dies deutete -lt. AXELSSON- "darauf hin, daß es sich um eine polymer bedingte Eigenschaft handelt." Die vorgefundene positive Beziehung zwischen dem Eiindex der Mütter und dem der Töchter spricht ebenfalls für die erbliche Bedingtheit dieses Merkmals.

2. Vererbung der Spitzigkeit:

Die Vererbung der Eispitzigkeit wurde in der gleichen Art und Weise wie die Vererbung des Eiindexes untersucht (Tab. 31).

Tab 31 Gradzahlen der Eispitzigkeit der verschiedenen Rassen in den untersuchten Generationen.

Gene- ration	Durchschnittszahl für die Gradzahl der Eier						M
	Leghorns	X	rote Rhodeländer	X	Barnevelder	X	Leghorns
P ₁	4,22		3,45		3,75	4,22	3,81
F ₁		4,02		3,62		3,70	3,78
FR ₂	4,27	4,18	3,50	3,60	3,72	4,07	3,89
F ₂		4,06		3,73		4,08	3,96

Auch für die Spitzigkeit schien eine intermediäre Vererbung vorzuliegen. Es bestand zwar eine positive Beziehung zwischen Müttern und Töchtern, doch der Unterschied der Tochtergruppe mit niedrigster und der mit höchster Gradzahl der Spitzigkeit war statistisch nicht gesichert. AXELSSON betonte, daß die etwas unregelmäßigen Ergebnisse "nur eine Andeutung dafür geben, daß die Gradzahl der Eier eine erblich bedingte Eigenschaft der Henne war."

Untersuchungen über den Erbgang des Milchfettgehaltes beim Rind führte DINKHAUSER, F. (1940) durch. Laut Autor versagen statistische Massengesetze sobald der individuelle Erbwert untersucht werden soll. Daher versuchte er auf dem Wege der Individualanalyse Vererbungsvorgänge, wie sie in alten durchgezüchteten Herden vorlagen, auf biologische Regeln hin zu untersuchen. Als Material stand ihm eine Herde zur Verfügung, die seit fast 30 Jahren auf Erhöhung des Milchfettgehaltes gezüchtet wurde. DINKHAUSER arbeitete mit dem Milchfettgehalt, nicht mit der Milchfettmenge. Umwelteinflüsse auf den Fettgehalt korrigierte er individuell und im Vergleich zur Gesamtherde oder der jeweiligen Familie.

Hinsichtlich der Vererbung eines hohen Milchfettbildungsvermögens kam der Autor zu folgenden Feststellungen:

"Der über die natürlich bedingte Mindestgrenze hinausgehende Fettgehalt wird im allgemeinen unabhängig von der Milchmenge vererbt, es kann aber auch die Kopplung zwischen einer bestimmten Milchmenge und einem bestimmten Fettgehalt in der Anlage vorkommen.

Einzeltiere beiderlei Geschlechts und dementsprechend auch ganzer Familien können eine bestimmte Höhe des Fettgehaltes in homozygoter Form besitzen. Von diesen Tieren wird der jeweilige Fettstandard im Einzelfall grundsätzlich gehalten, d.h. also bei Partnern mit geringerer oder indifferenter Veranlagung auf die eigene Höhe gebracht oder bei Partnern mit höherem Standard nach der eigenen Grenze gesenkt. Das Einzeltier ist für die endliche Auswirkung seiner erblichen Veranlagung nicht allein verantwortlich, sondern hängt in dieser Hinsicht mehr oder weniger von seinem Partner ab."

Für die Vererbung eines niedrigen Milchfettbildungsvermögens galt -lt. DINKHAUSER- folgendes:

"Es gibt Tiere, denen außer dem Grundfaktor für einen natürlichen Mindestmilchfettgehalt jeder Faktor für eine weitere Milchfettbildung fehlt.

Diese Veranlagung tritt in ihrer typischen Form homozygot auf und ist weder durch Fütterung noch Züchtung merkbar zu verändern.

Die Vererbung erfolgt auch dominant. Diese Leistungsanlage kann mit hoher Milchleistungsfähigkeit gekoppelt sein."

In dem untersuchten Material hatten sich nun Beobachtungsmöglichkeiten ergeben, die der Kreuzung der beiden festgestellten Extreme entsprachen. Dabei wurde folgendes beobachtet:

"Die Vererbung des Fettgehaltes erfolgt im allgemeinen intermediär, indem neben den Mittelklassen auch die Leistungstypen der Eltern auftreten. Die Mittelklassen spalten wieder auf.

In Fällen homozygoter Veranlagung mit ausgeprägter Vererbungsstärke der Faktoren tritt auch die dominante Vererbung auf. Sie erstreckt sich anscheinend auf alle der Variationsbreite des Fettgehaltes entsprechenden Leistungsstufen. Heterozygote Mittelwerte zeigen häufig ein Verhalten, welches auf eine verschiedene Energie der Faktoren schließen läßt."

Die Untersuchungen hatten für den Fettgehalt im allgemeinen den intermediären Erbgang ergeben. Der Autor ging von polymerer Bedingtheit aus und rechnete mit drei Paaren von Faktoren. Dafür sprach der langsame Anstieg des Fettgehaltes im Laufe der Zeit, trotz nachdrücklicher züchterischer Beeinflussung und das Vorhandensein einer Reihe ausgeprägter Leistungsstufen. Ferner meinte DINKHAUSER, daß Tiere, die in den Faktoren, die den Fettgehalt steigerten, homozygot waren und entsprechende Leistungenergie besaßen, eine dominante Vererbung des Fettgehaltes zeigten. Der Vergleich der Vererbungsleistung von Tieren "mit eindeutiger, stark ausgeprägter Veranlagung mit solchen Tieren, die eine ganz unklare, leicht beeinflussbare Zusammensetzung ihrer Erbmasse zeigten, konnte als Beweis dafür gelten, daß die Erbfaktoren nicht gleich in Wirkung und Energie waren." Der Autor ging dabei von der Annahme aus, daß ein Tier mit "homozygoter Anlage für einen bestimmten Fettgehaltstandard denselben dominant vererben kann, wenn die Faktoren über eine starke Lebens- oder Leistungenergie verfügen. Im anderen Falle erfolgt eine intermediäre Vererbung entsprechend der Leistungsveranlagung des Partners. Diese kann indifferent, d.h. ausdruckslos sein, wenn bei beiden Partnern die heterozygoten Anlagen keine besondere Vererbungskraft besitzen." Anschließend resumiert der Autor, daß, wie "die züchterische Erfahrung lehrt, bei den physiologischen Eigenschaften die intermediäre Vererbung die Regel, die dominante Vererbung die im günstigsten Sinne erstrebte Ausnahme ist."

CONSTANTINESU, G.K., MAUCH, A., VLADESCU, D. und BRATESCU, J. (1942) kreuzten die Schweinerassen York und Mangalitza, um die Vererbung der Feinstruktur der Schweineborste zu klären.

Insgesamt wurden zwei Elterntiere der Yorkrasse, drei Elterntiere der Mangalitzarasse, acht Tiere der F_1 -Generation und 15 Tier der F_2 -Generation untersucht.

1. Flaumhaar:

Bei der Mangalitzza-Rasse besteht das Haarkleid aus zwei Haararten, und zwar außer der eigentlichen Borste befindet sich an der Basis der Borste das kürzere und feinere Flaumhaar. Dieses Flaumhaar fehlt dem Yorkschwein.

Bei den F_1 -Tieren fehlte das Flaumhaar völlig. Die einheitlichen Borsten waren jedoch anders als die der Yorkschweine. Lt. Autoren entstand gewissermaßen ein neuer, einheitlicher Haartypus, der den Borsten der F_1 -Tiere ein Aussehen gab, das als intermediär bezeichnet werden konnte.

In der F_2 -Generation trat das Flaumhaar wieder auf, aber nicht im klassischen mendelschen Verhältnis eines monofaktoriellen Erbganges, sondern alle F_2 -Tiere besaßen Flaumhaare, wenn auch unterschiedlich viele. Daraus folgerten die Autoren, "daß bei der Vererbung der Zusammensetzung des Borstenkleides mit einem intermediären Erbgang auf polymerer Grundlage gerechnet werden muß."

2. Kräuselung der Borste

Beim Mangalitzaschwein sind die Borsten lang und zeigen eine Kräuselung in Form zweier bogenförmiger Krümmungen. Die Yorkrasse hat das typische Borstenhaar. Es ist dick, steif und schlicht ohne jede Kräuselung.

Die F_1 -Tiere verhielten sich intermediär. Die Borsten hatten größtenteils die Form eines offenen Halbkreises.

Bei den F_2 -Tieren traten die verschiedensten Variationen auf. Diese große Variabilität der Kräuselungsform sprach für polymere Bedingtheit dieses Merkmals.

3. Borstenlänge

Wie aus Tabelle 32 ersichtlich ist, dominierte in der F_1 -Generation die kurze Borste der Yorkrasse.

Tab. 32 Borstenlänge (in mm).

Rassen	Variationsbreite	n	$\bar{M} \pm m$	$\sigma \pm$	v
Mangalitzaborsten	30-99	150	$72,46 \pm 1,21$	14,91	20,56
Mangalitzaflaum	12-75	150	$37,75 \pm 1,10$	13,50	35,76
York	17-62	100	$43,30 \pm 0,86$	8,60	19,86
F ₁ -Tiere	24-72	350	$43,00 \pm 0,33$	6,27	14,60
F ₂ -Tiere	4-52	3275	$21,43 \pm 0,12$	7,20	33,55

Bei den 15 untersuchten F₂-Tieren wurde eine Aufspaltung in kürzere und längere Borsten im Verhältnis 11:4 gefunden. Daraus schlossen die Autoren, daß "das kurze Haar bzw. Borste gegenüber seinem Allelomorph dem langen Haar bzw. Borste einen dominanten und höchstwahrscheinlich monofaktoriellen Erbgang aufweist."

4. Borstenspitzenaufspaltung

Die absolute Länge der Bostenaufspaltung war bei den F₁-Tieren kürzer als bei beiden Ausgangsrassen (Tab. 33). Ungespaltene Borsten fehlten in der F₁-Generation.

Tab. 33 Länge der Borstenspitzenaufspaltungen (in mm).

Rassen	Klassengrenzen	n	$\bar{M} \pm m$	$\sigma \pm$	v
Mangalitzza	3-16	150	$8,76 \pm 0,21$	2,61	29,79
York	4-24	100	$9,18 \pm 0,32$	3,25	35,39
F ₁ -Tiere	4-12	350	$7,37 \pm 0,09$	1,64	22,29
F ₂ -Tiere	0,2-8,5	1975	$1,73 \pm 0,03$	1,40	8,55

Bei der relativen Länge der Aufspaltung, d.h. dem Prozentsatz der Spaltung an der Gesamtborstenlänge, lag folgende Verteilung vor:

Mangalitzza	12,09 %
F ₁ -Tiere	17,14 %
York	21,01 %

Die relative Länge der Aufspaltung verhielt sich in der F₁-Generation intermediär.

In der F_2 -Generation lag eine große Variabilität der relativen Länge der Borstenspitzenaufspaltung vor, so daß die Autoren auf Polymerie schlossen.

Auch die Korrelation zwischen der Borstenlänge und der Länge der Spitzenaufspaltung wurde in der F_1 -Generation intermediär vererbt.

Mangalitza	$r = + 0,248$
F_1 -Tiere	$r = + 0,316$
York	$r = + 0,333$

Die Anzahl der Spaltungsäste ergab folgende Verteilung (Tab. 34):

Tab. 34 Variationsreihen und Variationsmaße der Spaltungsäste.

	Frequenzen	Klassen					n	$M \pm m$	$\pm \sigma$	V
		2	3	4	5	6				
Mangalitza	-	45	75	30	-	-	150	$3,90 \pm 0,10$	0,44	11,30
York	10	54	32	4	-	-	100	$3,30 \pm 0,11$	0,69	20,97
F_1 -Tiere	184	88	24	-	-	-	296	$2,46 \pm 0,07$	0,52	22,90
F_2 -Tiere	450	637	522	256	110	-	1975	$3,47 \pm 0,02$	1,18	34,00

Die F_1 -Tiere nahmen weder eine Mittelstellung zwischen den Ausgangsrassen ein noch entsprachen sie einer dieser Ausgangsrassen.

Die F_2 -Generation lag in etwa zwischen den Elternrassen, während sich ihre Extremwerte über das ganze Schwankungsgebiet zwischen den Elternrassen erstreckten. Eine vereinfachte Frequenzaufteilung der F_2 -Generation deutete auf einen monofaktoriell bedingten intermediären Erbgang hin.

Anzahl der Spaltungsäste	2	3	4
Frequenz der F_2 -Tiere	3	7	5

Das atypische Verhalten in der F_1 -Generation führten die Autoren auf die nichtgespaltenen Flaumhaare der Mangalitza-rasse zurück.

5. Borstendicke (Tab. 35):

Tab. 35 Mittlere Borstendicke (μ).

Rassen	Basis		Mitte		Spitze	
	M+m	n	M+m	n	M+m	n
Mangalitzaborsten	149,15±0,60	150	147,16±0,81	124	141,49±0,69	131
Mangalitzafraum	52,58±0,48	150	52,22±0,70	90	53,34±0,54	150
York	206,30±0,93	100	207,20±1,19	100	201,70±1,50	78
F ₁ - Generation	123,70±0,31	400	118,85±0,35	382	111,70±0,34	357
F ₂ - Generation	-	-	96,35±0,18	872	-	-

Die Borsten der F₁-Tiere waren dünner als diejenigen der Ausgangsrassen. Die Autoren vermuteten, daß das Flaumhaar, das in seiner äußeren Form bei den F₁-Tieren nicht in Erscheinung trat, dennoch in den Erbgang der Borstendicke eingreift. Berechnete man die mittlere Haardicke aus beiden Haartypen des Mangalitzas ($\frac{147,16 + 52,22}{2} = 99,69 \mu$), so lag eine intermediäre Stellung der Borstendicke in der F₁-Generation vor. In der F₂-Generation trat folgende Häufigkeitsverteilung auf:

Borstendicke in μ	70	80	90	100	110	120	130
Frequenz der F ₂ -Tiere	2	4	2	5	1	1	

Die Autoren faßten die Individuen von 70-90, von 90-110 und von 110-130 μ zusammen und erhielten so das Zahlenverhältnis 6:7:2. Diese Aufspaltung der F₂-Generation sprach für einen monofaktoriell bedingten Erbgang der Borstendicke, obgleich die Autoren erwähnten, daß "ein solcher Charakter quantitativer Natur wie die Dicke des Haares eine polymere Vererbung logischer erscheinen lassen würde."

6. Markstrang (Tab. 36):

Borstenhaar der Mangalitzas: Der Verlauf des Markstranges weist Unterbrechungen auf, die zahlenmäßig geringer sind als bei der Yorkrasse. Der Markstrang teilt sich häufig in 3-5 nebeneinander parallel verlaufende Markkolonnen auf. Der Markstrang verdickt sich von der Basis gegen die Spitze der Borste.

Flaumhaar des Mangalitzas: Der Markstrang fehlt oft ganz. Unterbrechungen des Markstranges sind sehr häufig. Seine Dicke nimmt auch hier gegen die Spitze des Haares zu. Bei der Yorkrasse sind marklose Haare selten. Der Markstrang weist zahlreiche Unterbrechungen auf. Am dicksten ist er im mittleren Haarabschnitt. Er ist im ganzen stärker ausgebildet als bei der Mangalitzaborste.

Bei den F_1 -Tieren begann der Markstrang erst in der Mitte des Haares. Die Unterbrechungen des Markstranges waren außerordentlich zahlreich (wie bei der Yorkrasse). Die Struktur des Markes war ähnlich der der Mangalitzaborste. Die Dicke nahm gegen die Spitze der Borste hin zu.

Tab. 36 Variabilität der Markstrangdicke (in μ , Mitte).

Rassen	Basis		Mitte		Spitze	
	$M \pm m$	n	$M \pm m$	n	$M \pm m$	n
Mangalitzza-Borsten	32,60 $\pm$ 0,44	129	35,40 $\pm$ 0,51	119	42,35 $\pm$ 0,47	128
Mangalitzza-Flaum	13,20 $\pm$ 0,67	85	14,66 $\pm$ 1,22	32	16,86 $\pm$ 0,16	84
York	81,05 $\pm$ 1,52	43	92,30 $\pm$ 1,18	57	80,00 $\pm$ 1,51	56
F_1 - Generation	38,95 $\pm$ 0,58	105	42,30 $\pm$ 0,35	196	46,25 $\pm$ 0,39	250
F_2 - Generation	-	-	39,20 $\pm$ 0,59	558	-	-

Die Markdicke der F_1 -Tiere nahm eine Mittelstellung zwischen den Ausgangsrassen ein. Zog man dabei die Flaumhaare mit in Betracht, wurde die Mittelstellung noch deutlicher:

Mangalitzza (Borsten-und Flaumhaar)	25,03
F_1 -Tiere	42,30
York	92,30

Das zusammenhanglose und vielfach Unterbrechungen aufweisende Bild des Markstranges der F_1 -Tiere entsprach weitgehend dem der Yorkrasse. Die Anordnung der Markzellen sowie das Auftreten mehrerer Markkolonnen sowie der relative Dickenunterschied des Markstranges in den einzelnen Haarabschnitten in der F_1 -Generation entsprach weitgehend der Mangalitzaborste.

Die Dicke des Markstranges in der F_2 -Generation verteilte sich über das gesamte Schwankungsgebiet zwischen den Elternrassen, ja ging sogar über diese hinaus. Dies spricht für eine polymer bedingte Vererbung der Markstrandicke.

7. Querschnittsform des Haares (Tab. 37)

Die Querschnittsformen der Haare wurden in Verhältniszahlen ausgedrückt. Je größer die Verhältniszahl, umso ovaler oder elliptischer ist die Querschnittsform.

Tab. 37 Verhältniszahlen der Querschnittsformen.

l = kleiner Durchmesser	Basis		Mitte		Spitze	
	Borste	Mark	Borste	Mark	Borste	Mark
Mangalitzafraum	1:1,34	1:1,84	1:1,36	1:1,41	1:1,41	1:3,58
Mangalitzaborsten	1:1,44	1:2,47	1:1,57	1:1,58	1:1,58	1:2,79
York	1:1,30	1:1,67	1:1,33	1:1,31	1:1,28	1:1,80
F_1 -Tiere	1:1,62	1:3,04	1:1,66	1:1,61	1:1,61	1:2,88
F_2 -Tiere	-	-	1:1,48	1:1,44	-	-

Die mehr ovale Querschnittsform der Mangalitzaborste schien über die mehr runde der Yorkborste zu dominieren. Obwohl die Schwankungsbreite der 15 F_2 -Tiere die Extremwerte der Ausgangsrassen übertraf, schien doch eine deutliche Aufspaltung von vier mehr runden zu elf mehr ovalen Querschnittsformen vorzuliegen. Diese Aufspaltung entspricht einem dominant monofaktoriellen Erbgang.

8. Borstencuticula

Die freien Ränder der Borstencuticula waren bei der Mangalitzaborste stark gezackt, während die Cuticula der Yorkborste eine geordnete Linienzeichnung aufwies. Die F_1 -Tiere nahmen eine Mittelstellung zwischen den Ausgangsrassen ein.

Aus der folgenden Tabelle 38 ist ersichtlich, daß die Schuppenhöhe der Borstencuticula einem intermediären Erbgang folgt:

Tab. 38 Sichtbare Schuppenhöhe der Borste (in μ).

Rasse	Basis	Mitte	Spitze
York	6,54	5,56	5,29
F_1 -Tiere	7,51	6,56	5,64
Mangalitzaborsten	8,13	7,62	6,75
Mangalitzafraum	10,45	9,37	9,16

Die F_2 -Tiere hatten eine durchschnittliche Cuticulaschuppenhöhe von 5,88 μ . Diese stimmte in auffallender Weise nicht mit der F_1 - oder Eltern-Generation überein. Maß man jedoch die Schuppenhöhe der Borstenspitze, so erzielte man eine gute Übereinstimmung zwischen den Generationen. Die F_2 -Tiere waren bei der Haarentnahme noch nicht ausgewachsen, sondern erst ca. sechs Monate alt. In diesem Sinne entsprach der mittlere Haarabschnitt, der bei den noch nicht ausgewachsenen Haaren der F_2 -Generation untersucht wurde, etwa der Spitze der ausgewachsenen Haare von den Eltern- und F_1 -Tieren. Ein Vergleich in dieser Richtung ergab eine gute Übereinstimmung. Weiter wurde festgestellt, daß die Schuppenhöhe sich sukzessiv von der Basis gegen die Spitze der Borste um rund 1,50 μ verminderte. Somit konnte die mutmaßliche Schuppenhöhe von der Spitze, Mitte und Basis der F_2 -Borsten bestimmt und mit den Borsten der F_1 - und Elterngeneration verglichen werden (Tab. 39):

Tab. 39 Theoretische Schuppenhöhe der Borsten (in μ).

	Schuppenhöhe		
	F_2	F_1	Mangalitz X York (theor.)
	μ	μ	μ
Spitze	5,88	5,64	6,02
Mitte	6,57	6,56	6,59
Basis	7,38	7,51	7,33

Die Übereinstimmung der Werte der F_2 -Borsten mit den Zahlenwerten der F_1 -Tiere und dem theoretischen Mittel der Elterntiere war gut und wies nochmals auf den intermediären Vererbungsgang hin.

Die 14 F_2 -Individuen zerfielen in drei größere Gruppen im Zahlenverhältnis 4:7:3. Diese vorgefundene Aufspaltung kam den theoretischen Zahlen für einen intermediären monofaktoriellen Erbgang recht nahe.

3. Ergebnisse und Diskussion

3.1. Allgemeine Ergebnisse

- Tierarten

Die ersten Vererbungsversuche bei höheren Tieren wurden größtenteils mit Labortieren (Ratte, Maus, Kaninchen) und Geflügel durchgeführt. Die Vorteile dieser Tierarten liegen im Gegensatz zu den größeren Haustieren vor allem in ihrem kurzen Generationsintervall und den geringen Kosten bei Anschaffung und Haltung, auch bei einer größeren Anzahl von Versuchstieren.

Aus dem Wissen, daß die für den Menschen wichtigen Nutzleistungen der Haustiere neben der Umwelt genetisch bedingt sind, wurden auch bald Vererbungsversuche an den landwirtschaftlichen Nutztieren durchgeführt.

Die dabei bevorzugten Tiere waren mittelgroße Haustiere, wie etwa das Schwein oder das Schaf. Dies lag vor allem daran, daß das Generationsintervall dieser Tiere nicht zu groß ist und daß auch die wirtschaftlichen Kosten nicht so hoch sind wie bei den großen Haustieren. Aber auch große Haustiere wie etwa das Rind oder das Pferd wurden untersucht. Hier wurde allerdings kaum noch mit Kreuzungsexperimenten gearbeitet, sondern das Material stammte meist aus der Praxis (Herdbücher, Zuchregister).

Innerhalb der einzelnen Arten wurden oft Rassen gekreuzt, die sich in dem zu untersuchenden Merkmal deutlich unterschieden, um Abweichungen von den Ausgangsrassen in den folgenden Generationen sicher verfolgen zu können. Dabei wurden sogar Wildformen mit Haustierrassen gekreuzt oder Tiere künstlich besamt, da eine natürliche Begattung nicht mehr möglich war. In anderen Versuchen wurden gleichzeitig mehrere Rassenkreuzungen durchgeführt, um die Kreuzung herauszufinden, deren Nachkommen in den Folgegenerationen die höchsten Leistungen erbringen.

Bei Arbeiten, bei denen das Material nicht aus Experimenten, sondern aus Registern oder Herdbüchern übernommen wurde, wurden nur Tiere einer Rasse untersucht.

- Merkmale

Bei den Versuchen an Labortieren und Geflügel untersuchte man zunächst qualitative Merkmale (vor allem die Farbe), da hier der Erbgang mit Hilfe der Mendelschen Regeln relativ schnell gefunden werden konnte. Man versuchte dann, solche bei den Labortieren gefundenen Ergebnisse bei den größeren Haustieren zu bestätigen. Sehr schnell wendete man sich dann aber den für den Menschen wirtschaftlich wichtigen Merkmalen und somit den quantitativen Eigenschaften zu. Quantitative Merkmale, die keine wirtschaftliche Bedeutung hatten und nur dem Auffinden von Vererbungsregeln dienten, wurden meist mit anderen Merkmalen zusammen in einem Versuch untersucht. (z. B. Kopfform, Ohrform) Es wurden auch bestimmte Merkmale untersucht, um eine vorherrschende Meinung zu widerlegen. (Wollcharakter: konstant-intermediäre Vererbung)

Bei der Auswahl der zu untersuchenden Merkmale achteten die Forscher darauf, daß man sie relativ einfach und exakt bestimmen konnte und daß sie von der Umwelt so wenig wie möglich beeinflusst wurden. Diese beiden Punkte führten dazu, daß z.B. die Wüchsigkeit (in Form von Wüchsigkeitsziffern) anstelle des Körpergewichtes, das Gewicht der Neugeborenen anstelle des Gewichtes der erwachsenen Tiere, Verhältniszahlen von einzelnen Körperdimensionen oder auch Korrelationen von Merkmalen untersucht wurden.

- Versuchsablauf

In allen Experimenten wurde die F_1 -Generation, meist auch eine F_2 -Generation gezogen. Höhere Generationen waren selten, und dann lagen stets nur ganz wenige Tiere vor. Häufig wurden Rückkreuzungen der F_1 -Tiere mit den Ausgangsrassen durchgeführt, teilweise sogar mehrfache Rückkreuzungen.

Eine größere Anzahl von Generationen wurde bei den Arbeiten, die ihr Material aus Registern entnahmen, einbezogen.

Von der Anzahl der gezogenen Generationen und dem Generationsintervall der untersuchten Tierart hing auch die Versuchsdauer

bei den Kreuzungsexperimenten ab. Sie zog sich natürlich bei den mittleren und großen Haustieren oft über viele Jahre hinweg.

Bei den Kreuzungsexperimenten wurden die untersuchten Merkmale meist exakt gemessen. Oft lagen jedoch die Werte der Eltern und der Filialtiere so nahe beieinander, daß eine Beurteilung sehr schwierig war. Zudem stellt sich die Frage, ob in solchen Fällen die Meßgenauigkeit nicht größer war als die vorgefundenen Differenzen.

Beim Ausfall bestimmter Generationen oder beim Vorliegen zu weniger Tiere wurden Schätzwerte verwendet.

In manchen Arbeiten wurden keine Messungen durchgeführt, sondern die Merkmale der Tiere in den verschiedenen Generationen wurden vom Autor beschrieben oder auch teilweise anhand von Fotos verglichen.

Vor allem die quantitativen Merkmale werden stark von Umwelteinflüssen, z.B. Haltung, Klima, Jahreszeit, Fütterung, beeinflusst. Solche Umwelteinflüsse wurden auf verschiedene Art und Weise ausgeschaltet:

- Bei Kreuzungsexperimenten wurde versucht, die Umweltbedingungen während des gesamten Versuchsablaufes weitgehend konstant zu halten, so daß alle Versuchstiere gleichermaßen betroffen waren.
- Tiere, die nachweislich von Umweltfaktoren in außergewöhnlicher Weise betroffen waren, wurden vom Versuch ausgeschlossen.
- Es wurden stets nur solche Tiere verglichen, die vom gleichen Geschlecht waren und die auf derselben Entwicklungsstufe standen.

In einigen der ausgeführten Arbeiten wurde auf eine Beeinflussung des Materials durch Umweltfaktoren nicht näher eingegangen.

- Versuchsergebnisse

Zunächst wurden in vielen Versuchen die Ausgangsrassen untersucht und somit in vielen Merkmalen exakte Daten über diese gewonnen.

In der F_1 -Generation fanden die meisten Autoren, daß die Werte der Kreuzungstiere zwischen den Werten der Ausgangsrassen lagen. Teilweise wurden die Werte der Ausgangsrassen erreicht, teilweise sogar übertroffen. Lagen die Werte der F_1 -Tiere zwischen denen der Eltern, so bezeichneten dies viele Autoren als intermediär, auch wenn der Wert nicht dem arithmetischen Mittel entsprach. Um diesen Ausdruck "intermediär" etwas präziser zu fassen, wurde oft der Zusatz "intermediär, mit Annäherung an" den einen oder anderen Elter verwendet.

Wurden die Werte der Ausgangsrassen von den F_1 -Tieren erreicht, so wurde dies als Dominanz (bzw. Rezessivität) bezeichnet. Ob nun ein Merkmal als dominant oder als "intermediär, mit Annäherung" bezeichnet wurde, war von Autor zu Autor verschieden und unterlag keinen definierten Regeln.

Wurden die Elternwerte von den F_1 -Tieren übertroffen, wurde dies mit besonderen Faktorenkombinationen bei den F_1 -Tieren erklärt oder mit Heterosis.

Entscheidend für das Festlegen der Ergebnisse war auch immer die Frage, ob einzelne F_1 -Tiere oder die gesamte F_1 -Generation betrachtet wurden. Deutlich wird dies in der Arbeit von Kromacher, C. und Schäper W. (1926), wo die Werte der gesamten F_1 -Generation deutlich intermediär (in der arithmetischen Mitte der Elternwerte) liegen, die Werte der einzelnen F_1 -Tiere jedoch auf der ganzen Breite zwischen den Elternwerten verstreut. In der F_2 -Generation fiel zunächst vielen Autoren auf, daß die Variationsbreite des untersuchten Merkmals vergrößert war. Während einige Autoren feststellten, daß in der F_2 -Generation keine kontinuierliche Variation vorlag, sondern Aufspaltungen eintraten, fanden andere Autoren eine kontinuierliche Variabilität der Merkmale.

Bei vielen Versuchen traten in der F_2 -Generation die Merkmalswerte der Ausgangsrassen wieder auf.

Die in den Arbeiten vorliegenden F_3 -Generationen bestanden aus so wenigen Individuen, daß keine Schlüsse aus dieser Generation gezogen wurden.

Bei Rückkreuzungen der F_1 -Tiere zu den Ausgangsrassen lagen die Rückkreuzungstiere meist intermediär zwischen den Werten der F_1 -Tiere und den Ausgangsrassen.

Auch bei den Rückkreuzungen wurden Aufspaltungen gefunden.

- Interpretation der Versuchsergebnisse durch die Autoren

In einem großen Teil der Arbeiten wurde lediglich festgestellt, wie die Vererbung des untersuchten Merkmales in der F_1 -Generation erfolgte, ob intermediär oder dominant. Aus diesen Ergebnissen wurden aber keine weiteren Schlüsse gezogen. Dies war vor allem bei den Schweinegebrauchskreuzungen so, da es hierbei nur auf die Leistung der F_1 -Tiere ankam und mit diesen ja nicht mehr weitergezüchtet wurde.

Da man bei Vererbungsversuchen mit quantitativen Merkmalen keine Aufspaltungsergebnisse fand, die einem einfachen monofaktoriellen Erbgang entsprachen, kamen die Forscher zu der Ansicht, daß mehrere Gene an der Vererbung solcher Merkmale beteiligt sein müssen (Polymerie). Auch die Vergrößerung der Variabilität in den höheren Generationen im Vergleich zur F_1 -Generation legte diesen Schluß nahe.

Das nächste Ziel war es, die Anzahl der an der Vererbung eines Merkmals beteiligten Faktoren aufzuklären. Dabei versuchten viele Autoren, aus den Aufspaltungen in den einzelnen Generationen und Rückkreuzungen auf die Anzahl der Faktoren zu schließen. Dabei legten sie sich aber zahlenmäßig nicht fest, sondern sprachen nur von "wenigen" oder "vielen" Faktoren.

Autoren, die von einer kontinuierlichen Verteilung des Merkmales ausgingen, verglichen diese Verteilung mit der theoretisch errechneten Verteilung bei der Annahme einer bestimmten Faktorenzahl.

Ein Teil der Forscher ging dann noch einen Schritt weiter und versuchte, die Wirkung der einzelnen Faktoren auf das untersuchte Merkmal zu klären. Aufgrund statistischer Berechnungen bzw.

durch "Probieren" fanden manche eine einheitliche, gleiche Wirkung der einzelnen Faktoren, andere eine ungleiche Wirkung der einzelnen Faktoren.

Hatte man die Anzahl und die Wirkung der beteiligten Faktoren bestimmt, so konnte ein theoretischer Erbgang aufgestellt werden. Das im Versuch erhaltene Material wurde nun mit dem theoretischen Erbschema verglichen und so die Vererbungstheorie überprüft. Die Frage, ob einzelne Merkmale abhängig oder unabhängig voneinander vererbt werden, trat vor allem in bezug auf die Vererbung verschiedener Körperdimensionen immer wieder auf. Man fand, daß in der F_1 -Generation die einzelnen Körperteile meist unabhängig voneinander vererbt wurden, daß aber in späteren Generationen und Rückkreuzungen bereits wieder Typen auftraten, die den Ausgangsrassen weitgehend entsprachen, was wiederum auf Kopplung der Merkmale hinwies.

3.2 Ergebnisse und Besprechung einzelner Merkmalsgruppen

- Vererbung der Milchmenge

Die Milchmenge ist wohl das am häufigsten untersuchte quantitative Merkmal überhaupt. Um die Vererbung der Milchmenge zu klären, wurden die unterschiedlichsten methodischen Ansätze verwendet. Eines aber war allen Forschern, die sich mit diesem Merkmal beschäftigt haben, klar, daß nämlich die absolute Milchleistung in keiner Weise die genetische Veranlagung des Tieres darstellt, sonder daß die Milchleistung in ganz besonderem Maße durch Umweltfaktoren beeinflusst wird. Somit lag die erste Aufgabe stets darin, den Umwelteinfluß zu erkennen, ihn auszuschalten oder zu korrigieren, um ein Maß zu erhalten, das die genetisch bedingte Veranlagung zur Milchbildung darstellt. Erst mit einer solchen von Umwelteinflüssen korrigierten Maßzahl konnte man die Erforschung der Vererbung dieses Merkmals angehen.. Die wichtigsten dieser Umweltfaktoren sind folgende: 1. Das Alter, das eine sehr starke Wirkung auf die Milchleistung hat. 2. Die Zwischenkalbezeit, die vor allem von der Service Periode abhängig ist. 3. Die Trockenzeit. 4. Der Kalbemonat. 5. Fütterung und Haltung. Diese Faktoren auszuschalten, wie es bei Pflanzen oder Labortieren zum Teil möglich war, war bei großen Haustieren, wie etwa hier beim Rind, unmöglich. Deshalb versuchten die Forscher, diese Umweltfaktoren zu korrigieren. Dies geschah meist dadurch, daß aktuelle Einzelleistungen zum Durchschnitt einer größeren Anzahl von Tieren, die ihre Leistungen unter denselben Umweltbedingungen erbracht haben, in Beziehung gesetzt wurden. Es gab auch Versuche, den Einfluß der einzelnen Umweltfaktoren rechnerisch an einem großen Tiermaterial zu erfassen und dann Korrekturformeln aufzustellen. Einige Autoren ließen auch manche Umweltfaktoren, von denen sie annahmen, daß sie die Milchleistung nur unerheblich beeinflussen, gänzlich unberücksichtigt. Andere führten individuelle Korrekturen durch, vor allem durch das Ausscheiden von Tieren mit z.B. extrem verlängerter oder verkürzter Zwischenkalbezeit, Euter-erkrankungen, Fehlgeburten usw.

Um die Vererbung der Milchleistung zu ergründen, gab es die unterschiedlichsten Arbeitsansätze:

1. Kreuzungsexperimente und Faktorenanalyse

Ab 1910 wurden vor allem in den USA mit Kreuzungsversuchen begonnen, um die Vererbung der Milchleistung im Mendelschen Sinne zu klären. (Drei große Kreuzungsversuche in Maine, Wisconsin und Illinois). Diese Versuche entstanden unter dem Eindruck der Erfolge, die in der Pflanzenzucht und teilweise bei Labortieren (Ratten, Kaninchen) mit der "Mendelschen Genetik" erzielt wurden. Es wurden Rassen miteinander gekreuzt, die in ihrer Milchleistung hohe Unterschiede aufwiesen, um die Ausbildung des Merkmals auch in den folgenden Generationen gut verfolgen zu können und um Unterschiede exakt feststellen zu können. Die F_1 -Tiere solcher Kreuzungen verhielten sich im großen und ganzen intermediär, mit einer deutlichen Annäherung an den Elter mit der höheren Leistung. In der F_2 -Generation war die Streuung in etwa ebenso groß wie in der F_1 -Generation. F_2 -Tiere erreichten selten die extremen Milchleistungen der Ausgangsrassen. In Anbetracht der Tatsache, daß die Milchleistung sicherlich durch mehrere Faktoren bedingt wird und in der F_2 -Generation stets nur relativ wenige Tiere vorlagen, ist dies auch nicht verwunderlich. Die Kreuzungsversuche wurden etwa um 1930 abgebrochen (Illinois 1931, Wisconsin 1933), da man eingesehen hatte, daß das ursprünglich aufgestellte Ziel, die Vererbung der Milchleistung im Mendelschen Sinne klarzulegen, so nicht erreichbar war. Ein weiterer Grund war sicher auch nicht zuletzt die finanzielle Belastung, die ein solcher Versuch bei großen Haustieren mit sich bringt.

Versuche, den Erbgang der Milchleistung zu finden, wurden vor allem unter KRONACHER, C. am Institut für Tierzucht und Vererbungsforschung der Tierärztlichen Hochschule Hannover und am Institut für Tierzucht der Landwirtschaftlichen Hochschule Berlin durchgeführt. Die bedeutendste Arbeit auf diesem Gebiet stammte von VON PATOW. Seine Arbeitshypothese über die Vererbung der Milchergiebigkeit wurde später von anderen

Forschern, wie LEBERL oder HUNSDÖRFER, bestätigt und erweitert. Sein Material gewann VON PATOW nicht aus Rassenkreuzungen mit extremen Leistungen, da er meinte, daß "innerhalb jeder Rasse individuelle, erbliche Unterschiede in der Leistung bestehen, die mindestens ebenso groß sind wie Unterschiede zwischen den Durchschnittsleistungen der Rassen untereinander." (VON PATOW 1929) Er bezog daher sein Material aus der Praxis. Voraussetzung hierfür war eine große Herde, in der über längere Zeit Leistungskontrollen durchgeführt wurden und ein exaktes Herdbuch geführt wurde. Die unterschiedlichsten Umwelteinflüsse mußten korrigiert werden. Mit dem so erhaltenen Material stellte VON PATOW eine Arbeitshypothese über den Erbgang der Milchleistung auf. Allgemein bekannt war, daß mehrere Faktoren an diesem Merkmal beteiligt sind. VON PATOW ging von drei Faktorenpaaren aus, überprüfte mit dieser Annahme sein Material und fand dabei eine gute Übereinstimmung zwischen seiner Hypothese und den vorgefundenen Daten. Möglichkeiten, um die Hypothese von VON PATOW zu überprüfen, bestehen darin, die Theorie an verschiedenem Untersuchungsmaterial zu testen (wie es auch gemacht wurde), oder aus dem Untersuchungsmaterial solche Tiere auszuwählen, die in allen drei leistungssteigernden Faktoren homozygot sind, und mit solchen Tieren dann Kreuzungsexperimente durchzuführen. Letztere Prüfung wurde nicht durchgeführt.

Ein Hauptkritikpunkt an der VON PATOW'schen Hypothese ist sicher die Frage, ob eine Eigenschaft, die von so vielen anatomischen und physiologischen Eigenschaften des Körpers, z.B. der Eutergröße, des innersekretorischen Systems, der Futteraufnahme Kapazität, des Kreislaufsystems usw., abhängig ist, überhaupt von einer so geringen Anzahl von Genen bestimmt werden kann. KRONACHER (1934) meinte dazu, "daß die Zahl der fraglichen Faktoren vielleicht nicht allzu groß sein braucht, vor allem, wenn wir bedenken, daß wir mit unseren Hilfsmitteln ja doch vermutlich nur die Hauptfaktoren erfassen können, während die Wirkung kleinerer modifizierender Erbfaktoren uns entgeht und auch wirtschaftlich keine Rolle spielt."

2. Variationsstatistik

Eine weitere Möglichkeit war die Frage der Milchvererbung rechnerisch anhand eines möglichst großen Materials zu lösen. Bei diesen statistischen Arbeiten versuchte man, weniger den Erbgang aufzuklären, sondern mehr den Erbwert von einzelnen Tieren festzustellen, durch Vergleich der Leistung der Nachkommen mit der der Eltern (SCHREWE 1909, SPEIR 1904-10, HANSEN 1917 a u.b, MARSHALL 1914, u.a.). Um den Erbwert von Bullen zu bestimmen, wurde statistisch anhand von möglichst vielen Nachkommen festgestellt, um wieviel die Durchschnittsleistung der Töchter eines Bullen von dem Durchschnitt ihrer Mütter abwich (PEARL 1910 und 1920, GOWEN 1919 und 1921, PEARL, GOWEN und MINER 1919, RICHARDSEN 1910, PETERS 1913, u.a.). In einem anderen Ansatz auf statistischer Basis wurde die Vererbung als Korrelation zwischen den Eltern und ihren Nachkommen aufgefaßt. Man berechnete Korrelationen zwischen den verschiedensten Verwandtschaftsgraden, z.B. von Vollschwestern, von Halbschwestern mit gemeinsamem Vater, von Halbschwestern mit gemeinsamer Mutter, von Mutter und Tochter, von Enkelin und Vatersmutter, von Enkelin und Muttersmutter usw. (GOWEN 1922 und 1924 a u.b). Bei all diesen Berechnungen ging man wieder von Durchschnittswerten großer Zahlen aus. Vor allem in der angelsächsischen Züchter- und Forscherwelt fanden diese Methoden großen Anklang.

4. Blutlinien, Individualpotenz

Einige Arbeiten jener Zeit beschäftigten sich mit dem Begriff der Blutlinie und ihren Einfluß auf die Milchergiebigkeit (ROTHES 1914, HUNT 1921, MALIN 1923, RINECKER 1922, u.a.). Dem Ausdruck Blut, als Gesamtheit der Vorfahren gedacht, liegen Vorstellungen zu Grunde, die auf GALTONs Gesetz vom Ahnenerbe beruhen. Es wurden für jedes Tier Ahnentafeln aufgestellt. Aus der Leistung der Vorfahren des untersuchten Tieres und dem "Zusammenfluß" bestimmter Linien wurde auf die Leistung der Nachkommen geschlossen. Auch mit Individualpotenz, der gesteigerten Vererbungsfähigkeit einzelner Tiere und ihren Einfluß auf die Milchleistung beschäftigten sich einige Veröffentlichungen (WENTWORTH 1915, HANSEN 1919, KÖPPE 1921, RINECKER 1922, KRONACHER 1924a). Der Begriff Individualpotenz wurde von KRONACHER (1924a) "als eine

durch Homozygotie in einer oder mehrerer besonders geschätzten dominanten Eigenschaften" erklärt. Diese Erklärung wurde weitgehend anerkannt und bestätigt.

- Vererbung des Milchfettes

Arbeiten über die Vererbung der Milchfettleistung stammen in erster Linie von den gleichen Forschern wie die Arbeiten über die Vererbung der Milchleistung und sind häufig mit diesen kombiniert. Der Hauptgrund liegt darin, daß schon früher von vielen vermutet wurde, daß die Milch- und Fettleistung voneinander abhängen und somit auch in irgendeiner Weise gemeinsam vererbt werden müßten. Auf die Frage, ob und wie die Milch- und die Fettleistung zusammenhängen, gab es eine Vielzahl von Untersuchungen mit durchaus unterschiedlichen Ergebnissen. Auf der einen Seite gab es eine Anzahl von Forschern, die an ihrem Material fanden, daß die Milch- und Fettleistung unabhängig voneinander vererbt werden (WILSON 1910, GOWEN 1918b, HANSEN 1919, PEARL 1920, LOCHOW 1921, RINECKER 1922, u.a.). In anderen Arbeiten wiederum wurde eine negative Korrelation zwischen den beiden Merkmalen festgestellt (PEARSON 1910, VIGOR 1913, ROBERTS 1918, GAINES 1922, ELLINGER 1923, u.a.). Schließlich gab es auch eine Gruppe von Forschern, die die Meinung vertraten, daß Milch- und Fettleistung zwar getrennt vererbt werden, aber nur innerhalb gewisser physiologischer Grenzen (FLEISCHMANN 1891, COLE 1925, PETERS 1924, VON PATOW 1930, LEBERL 1931, u.a.).

Inwieweit der Fettgehalt der Milch von äußeren, nicht erblichen Einflüssen, z.B. Alter, Futter, Kalbemonat, Witterung, abhängt, gab es ebenfalls eine Vielzahl von Untersuchungen. Da aber jedoch meist die Vererbung der Milch- und Fettleistung miteinander am selben Material untersucht wurde, waren die Korrekturen der nichterblichen Einflüsse dieselben wie bei der Milchmenge, obwohl manche äußeren Einflüsse die Milchmenge und die Milchfettleistung unterschiedlich beeinflussen.

Da die Vererbung der Milch- und Fettleistung meist miteinander untersucht wurde, trifft man hier auf dieselben Arbeitsansätze wie bei der Milchmengenvererbung: 1. Kreuzungsexperimente und Faktorenanalyse. 2. Mütter-Töchter-Vergleich auf statistischer Basis.

Kreuzungsexperimente wurden von vielen Forschern durchgeführt, und die meisten fanden dabei, daß sich der Fettgehalt in der F_1 -Generation intermediär vererbt (DUNNE 1914, ELLINGER 1923, CREW 1925, u.a.), teilweise mit Annäherung an den Elter einer bestimmten Rasse (PARLOUR 1913, STEVENS 1913, KUHLMANN 1915), teilweise mit Annäherung an den Elter mit der geringeren Leistung. (GOWEN 1918a und 1920 b, CASTLE 1919, u.a.).

Eine Faktorenanalyse im eigentlichen Sinne wurde von VON PATOW (1930), LEBERL (1931) und HUNSDÖRFER (1933) durchgeführt. Diese Autoren stellten dabei fest, daß die Fettmenge innerhalb gewisser Grenzen zusammen mit der Milchmenge vererbt wird, daß es aber darüberhinaus noch zusätzliche Faktoren gibt, die innerhalb einer bestimmten Milchmenge die Fettmenge zusätzlich steigern. Ein Großteil der Arbeiten über die Fettvererbung befaßte sich mehr mit dem Erbwert von Einzeltieren, der aus dem Vergleich der Mütter-Töchter-Leistung anhand von Durchschnittsberechnungen einer großen Anzahl von Tieren bestimmt wurde (HÖGSTRÖM 1906, RIETZ 1909, RICHARDSEN 1910, HANSSON 1913, PEARL, GOWEN und MINER 1919, PETERS 1924 u.a.), oder mit der Berechnung von Korrelationen zwischen den verschiedensten Verwandten (GOWEN 1922). Im großen und ganzen wurde also die Vererbung der Fettleistung genau so wie die der Milchleistung und meist auch mit dieser zusammen untersucht.

- Vererbung der Mast- und Aufzuchtleistung beim Schwein

Vergleicht man die vorliegenden Arbeiten über Schweinekreuzungen miteinander, so fällt zunächst die Vielzahl der verschiedensten Rassenkreuzungen auf. Es wurden dabei solche Rassen ausgewählt und bei den Kreuzungen verwendet, die sich in einem bestimmten, dem zu untersuchenden Merkmal deutlich

unterschieden. Dies war in vielen Versuchen die Haut- und Haarfarbe. Die Vererbung der Körpermerkmale und der physiologischen Eigenschaften wurde zuerst quasi nebenher untersucht. Es gab aber auch Arbeiten, die diese Eigenschaften in den Mittelpunkt der Untersuchungen stellten.

Eine besondere Stellung nahm bei vielen Autoren das Wildschwein ein. Dies beruht auf der Tatsache, daß das Wildschwein in so gut wie allen Eigenschaften, die untersucht wurden, eine sehr große Differenz zu sämtlichen Hausschweinrassen zeigt.

In bezug auf ein bestimmtes Merkmal kamen die verschiedenen Autoren meist, aber durchaus nicht immer, zum gleichen Ergebnis. Dies lag zum einen an den unterschiedlichen Rassen, die in den Versuchen verwendet wurden (auch ein und derselbe Autor fand teilweise in ein und derselben Versuchsreihe bei verschiedenen Rassenkreuzungen bezüglich eines Merkmals unterschiedliche Ergebnisse) und zum anderen auch am unterschiedlichen Versuchsaufbau, den unterschiedlichen äußeren Einflüssen, den unterschiedlichen Meßmethoden, der Größe des Versuchsmaterials usw. Die letztgenannten Punkte spielen vor allem bei quantitativen Merkmalen eine große Rolle, da ja diese bekanntlich von äußeren Einflüssen stark abhängig sind und auch einer exakten Messung Schwierigkeiten entgegensetzen.

Bei den meisten Versuchen wurden die F_1 -Generation und die F_2 -Generation beobachtet, bei manchen nur die F_1 -Generation und bei keinem der vorliegenden Versuche eine höhere Generation. Bei den Forschern, die nur die Vererbung der F_1 -Generation in Betracht zogen, lag der Grund vor allem darin, Gebrauchskreuzungstiere zu züchten, die die positiven Eigenschaften der Elternrassen in sich vereinigten. Mit diesen Gebrauchskreuzungen sollte nicht weitergezüchtet werden, sondern sie waren das wirtschaftlich wertvolle Endprodukt. Die Frage, warum man nicht mehr als zwei Generationen zog, war wohl in erster Linie eine wirtschaftliche Frage. Da den Haustiergenetiker vor allem die Aufspaltung der Merkmale in

höheren Generationen interessierte, ist in jedem Versuch eine große Anzahl von Tieren nötig. Zum anderen mußte man vom genetischen Standpunkt aus auch mit solchen Tieren weiterzüchten, die geringe Leistungen brachten. Solche Tiere besitzen jedoch einen geringen wirtschaftlichen Wert, wie auch der größte Teil ihrer Nachkommen.

In der F_1 -Generation fanden die Autoren bei den quantitativen Merkmalen intermediäre Vererbung, aber auch Dominanz bzw. Rezessivität. Bei der intermediären Vererbung waren die einzelnen Tiere der F_1 -Generation nie ganz einheitlich, sondern zeigten immer gewisse Schwankungen. Diese Schwankungen lassen sich auf verschiedene Ursachen zurückführen: 1. Die Ausgangsrassen waren in bezug auf das untersuchte Merkmal nicht ganz rein, und somit trat bereits in der F_1 -Generation eine Aufspaltung ein. 2. Die einzelnen Tiere wurden durch äußere Einflüsse unterschiedlich beeinflusst. 3. Meßungenauigkeiten der Untersucher. Beim Vorliegen von Dominanz lagen die F_1 -Tiere nicht direkt beim dominanten Elter, sondern näherten sich diesem mehr oder weniger an, und in manchen Fällen übertrafen sie ihn sogar. Auch hier fand sich kein einheitlicher F_1 -Typ, sondern stets eine gewisse Variation.

Bei der F_2 -Generation stellten fast alle Autoren fest, daß die Variabilität des untersuchten Merkmals wesentlich größer war als in der F_1 -Generation. Diese Feststellung spricht für polymere Bedingtheit bei der Vererbung solch quantitativer Merkmale. Es kamen in der F_2 -Generation alle Variationen zwischen den Ausgangsrassen vor und teilweise auch F_2 -Tiere, die ziemlich genau den Ausgangsrassen entsprachen. Da die Zahl der untersuchten F_2 -Tiere relativ gering war, sprach das Auftreten der extremen Ausgangsrassen dafür, daß die Anzahl der an der Vererbung beteiligten Faktoren nicht allzu groß sein kann. Zahlenmäßige Aufspaltungsergebnisse, aus denen man auf die Anzahl der Faktoren schließen könnte, lagen aber nicht vor.

Den breitesten Raum in den Vererbungsversuchen beim Schwein nahm bei den meisten Autoren die Farbvererbung ein. Die meisten Versuche wurden in den Jahren 1910-1920 begonnen, und zu diesem Zeitpunkt standen die Tierzüchter unter dem Eindruck der Mendelschen Regeln, die ja im Jahre 1900 wiederentdeckt wurden.

In den Anfangsjahren wurden diese Regeln anhand von Labortieren (Ratte, Kaninchen, Meerschweinchen) überprüft und ergaben vor allem bei der Farbvererbung gute Resultate. Nun versuchten die Tierzüchter, die Richtigkeit der gewonnenen Ergebnisse auch an den größeren Haustieren zu bestätigen bzw. Unterschiede zwischen den einzelnen Tierarten zu finden. Deshalb wurde die Versuchsanlage in vielen Experimenten so gestaltet, daß die Farbvererbung erforscht werden konnte. Andere Merkmale wurden anfänglich nur nebenbei mitbeobachtet. Da aber beim Hausschwein der wirtschaftliche Hauptnutzen auf der Schlachtleistung und auf der Fortpflanzungs- und Aufzuchtleistung liegt, wurde bald auch die Erforschung der Vererbung solcher Merkmale mit in die Versuche aufgenommen. Der Hintergrund war die Verbesserung und Verbilligung der tierischen Erzeugnisse. Das Ziel in der Schweinezucht waren "Tiere, die bei möglichst günstiger Ausbildung aller wertvolle Muskelpartien tragenden Teile des Körpers, Frühreife, d.h. schnelles und nachhaltiges Wachstum und frühzeitige Gebrauchsfähigkeit, mit hervorragender Futterausnutzungsfähigkeit bei nicht zu bedeutender Speck- und Fettbildung, bester Schmackhaftigkeit des Fleisches und nicht zu weicher Beschaffenheit des Fettes vereinigen. Dabei verlangen wir in der Zucht von denselben Schweinen aber auch noch eine u.a. durch entsprechende Beschaffenheit des Skelettes, der Muskulatur, von Haar und Haut angedeutete, bedeutende Widerstandsfähigkeit bedingende feste Konstitution, erhebliche Fruchtbarkeit und eine Körpergestaltung, die sich zum Zwecke billiger Aufzucht und Haltung möglichst auch zum Weidegang befähigt erscheinen lassen." (KRONACHER 1930). Doch auch im Bereich der Mastleistung und der Wurf- und Aufzuchtleistung wurden hohe Ansprüche gestellt. Gewünscht war ein Schwein, das in kürzester Mastdauer mit dem geringsten Futteraufwand sein festgesetztes Schlachtgewicht erreichte. Von Zuchtsauen erwartete man viele Ferkel von möglichst hohem Geburtsgewicht. Dies waren also die vielfältigen Anforderungen, die an das "ideale" Schwein gestellt wurden und denen man in der Zucht so weit wie möglich nahekomen wollte. Von seiten der neuen Forschungsrichtung Genetik versuchte man im Laufe der Zeit, die Vererbung all dieser Merkmale zu erforschen. Kennt man erst einmal den Erbgang der verschiedenen Merkmale und das Verhalten der Merkmale untereinander (Kopplungen), so kann man sich

von Anfang an die günstigsten Kombinationen, die möglich sind, als Zuchtziel wählen. Kombinationen, die von vornherein unmöglich sind, können vermieden werden und damit Zeit und Geld gespart werden. Es ergibt sich also aus der nachgewiesenen Selbständigkeit der meisten Erbanlagen für den praktischen Züchter die Möglichkeit, auch beim Hausschwein durch einfache Kombinationszüchtung nach dem Mendel-Schema zu Neukombinationen oder Neuzüchtungen zu gelangen.

Nun lag das Ziel nicht nur darin, bestimmte Merkmale bei einem Tier zu vereinigen, sondern auch darin, die Leistung der F_1 -Tiere über die der Eltern hinaus zu steigern, seit bei Kreuzungsversuchen des öfteren davon berichtet wurde, daß Kreuzungstiere in bestimmten Eigenschaften den reinen Rassen überlegen waren. Dies wurde vor allem beim Absatzgewicht, der schnellen Gewichtszunahme, dem schnellen Erreichen des Endgewichtes und den geringeren Gesamtfuttermittelnverbrauch beobachtet. Von einem regelmäßigen Auftreten solcher "Heterose"-Erscheinungen bei derartigen Gebrauchskreuzungen konnte aber keine Rede sein. Der Heteroseeffekt wurde als ein Zusammentreffen von dominanten Faktoren in entsprechender Zahl von beiden Seiten erklärt.

Zum Abschluß sei noch einmal auf die Schwierigkeiten eingegangen, die der Erforschung der Vererbung von quantitativen Eigenschaften beim Schwein in der damaligen Zeit zu Grunde lagen. Zunächst muß man bedenken, daß die zu den Experimenten verwendeten Schweinerassen, die ja zumeist aus vielen Kreuzungen hervorgegangen waren, ein wenig einheitliches Bild in bezug auf ein bestimmtes Merkmal boten. Eine schematisch festgelegte Reinzuchtgrenze nach so und so vielen Generationen gibt es nicht. Der Idealfall würde vorliegen, wenn alle Faktoren, die ein Merkmal bedingen, homozygot sind. Da dies bei den verwendeten Schweinerassen bei weitem nicht der Fall war, traten häufig schon in der F_1 -Generation völlig unerwartete Aufspaltungen auf, die die Deutung der Versuchsergebnisse erschwerten. Zum zweiten sind gerade die quantitativen Eigenschaften sehr stark von äußeren Einflüssen, z.B. Ernährung, Haltung, Jahreszeiten, Klima, abhängig. So war es immer schwierig zu bestimmen, was genetisch und was umweltbedingt war. Wichtig, aber fast unmöglich war es, die störenden Umwelteinflüsse

auszuschalten oder zu korrigieren. Das dritte große Problem war die Materialbeschaffung. Dabei bestanden damals zwei verschiedene Möglichkeiten. Zum einen spezielle experimentelle Forschung meist an Instituten. Dabei wurde auf wirtschaftliche Zwänge wenig Wert gelegt, und es war somit eine sehr kostspielige Angelegenheit. Zum anderen Ergebnisse aus der Praxis. Hier mußte man oft eine spezielle Versuchsplanung zurückstellen, konnte keine speziellen Fragestellungen untersuchen, sondern mußte eben das vorliegende Material so gut wie möglich für den Zweck der eigenen Untersuchung auswerten.

- Vererbung der Woll- und Mastleistung beim Schaf

Die beiden wirtschaftlichen Hauptfaktoren der Schafhaltung sind die Wollleistung und die Schlachtleistung. Im Gegensatz zu heute lag in der damaligen Zeit der Nutzungsschwerpunkt auf der Wollproduktion. Für den Züchter war es das Hauptanliegen, viel und gute Wolle pro Tier zu produzieren und erst in zweiter Linie einen guten Schlachtkörper. Diese Tatsache schlug sich auch in der Literatur nieder. Es liegen eine Vielzahl von Arbeiten vor über die Vererbung der unterschiedlichen Wollmerkmale, aber nur sehr wenige über die Vererbung der Körperform und des Körpergewichtes.

Die Wiederentdeckung der Mendelschen Regeln führte auch in der Schafzucht zu einem Suchen nach ihrer Anwendung, wie auch bei vielen anderen Haustieren zu Beginn dieses Jahrhunderts. Vor allem im Bereich der qualitativen Merkmale wurden wichtige Beispiele des klassischen Mendelismus entdeckt, z.B. Farbvererbung, Scheckung, Ohrlosigkeit, Behornung usw. Bei den quantitativen Merkmalen, die die wichtigsten wirtschaftlichen Nutzleistungen, wie Vliesgewicht und -qualität und Schlachtkörper, ausmachten, traf man auf Schwierigkeiten. Zunächst versuchte man auch hier, den Erbgang im Mendelschen Sinn zu lösen, und fand dabei sehr schnell, daß diese quantitativen Merkmale durch eine Vielzahl von Faktoren bedingt sind. Diese Einsicht öffnete später den Weg für statistische Untersuchungen an den beobachteten Variationen, also Methoden, die sich aus den Theorien der Populationsgenetik herleiten.

In den oben besprochenen Arbeiten setzten sich die Autoren bezüglich der Vererbung der Wollleistung im Mendelschen Sinne mit drei Hauptproblemen auseinander:

1. Gibt es hinsichtlich der Wollqualität eine konstant-intermediäre Vererbung?

Die Meinung der konstant-intermediären Vererbung ("Blending Inheritance") war damals in weiten Kreisen der Schafzüchter verbreitet. Unter diesem Begriff versteht man das Fehlen der Aufspaltung der einzelnen Merkmale in der F_2 -oder späteren Generationen. Die Tiere der späteren Generationen schienen wie die F_1 -Tiere intermediär. Auf wissenschaftlicher Ebene sprach als erster CASTLE (1909) von konstant-intermediärer Vererbung. Bei seinen Versuchen mit Kaninchen fand er, daß in bezug auf die Ohrlänge, Körpergewicht und -größe und Dimension von Skelettbestandteilen eine intermediäre Vererbung in der F_1 -Generation vorlag, die sich in späteren Generationen weitervererbte.

Einige Jahre später wiederholte er mit seinem Schüler MC DOWELL die Versuche an einem größeren Versuchsmaterial. Nun fanden sie in der F_2 -Generation eine wesentlich größere Variabilität als in der F_1 -Generation, die sie auf Polymerie zurückführten und die somit gegen eine konstant-intermediäre Vererbung sprach (CASTLE, 1912).

Die Schafzüchter sahen bei Kreuzungen verschiedener Rassen, daß die F_2 -Tiere in etwa den F_1 -Tieren im Wollcharakter entsprachen und daß auch der Wollcharakter der Ausgangsrassen nicht mehr auftrat. Diese Beobachtungen sind jedoch leicht zu erklären. Da der Wollcharakter von der Umwelt modifiziert wird, ist es unter nicht standardisierten Bedingungen schwierig, eine Aufspaltung des Materials zu beobachten. Zudem werden bei einer großen Individuenzahl die Tiere, die den Ausgangsrassen entsprechen, leicht übersehen. Bei einem kleinen Material jedoch treten solche extremen Tiere oft ganz selten auf, je nachdem wie viele Faktoren an der Vererbung des Merkmals beteiligt sind. Hinzu kommt noch die Veränderung des Aufspaltungsergebnisses in späteren Generationen durch Selektion, die ja in jeder wirtschaftlich geführten Herde auftritt. Die Aufspaltung und das Auftreten von Tieren, die den extremen Ausgangsrassen entsprachen, wurde in Versuchen

jedoch eindeutig bewiesen und somit die Auffassung einer konstant-intermediären Vererbung widerlegt (KRONACHER und SCHÄPER 1926, NICHOLS 1925).

2. Die Vererbung der Wollqualität und der Wollquantität

Bei der Vererbung der Wollfeinheit fanden die meisten Autoren, daß dieses Merkmal in der F_1 -Generation mehr oder weniger intermediär liegt, mit etwas mehr Annäherung an den einen oder anderen Elter, teilweise abhängig von der jeweils besprochenen Kreuzung. Auch in bezug auf die Wolllänge fanden die meisten Autoren ein intermediäres Verhalten in der F_1 -Generation. Aber es gab auch Ausnahmen. So fanden z.B. DAVENPORT und RITZMANN (1926), daß die größere Wolllänge der Oxfordschafe in der Kreuzung Oxford X Rambouillet dominant war, ja bei den Kreuzungen Southdown X Rambouillet und Hampshire X Rambouillet zeigten die F_1 -Tiere sogar eine etwas längere Wolle als die jeweiligen Ausgangsrassen. Dieses Ansteigen der Wolllänge in der F_1 -Generation führten die Autoren auf Heterosis zurück. Bei der Beurteilung aller in den verschiedenen Versuchen gefundenen Zahlen muß man immer beachten, daß die Wolllänge auch entscheidend von der Ernährung abhängig ist (eiweißreiche Ernährung begünstigt die Wolllänge).

Die Haarform (Kräuselung) verhielt sich in der F_1 -Generation nach den meisten Autoren intermediär, teilweise mit etwas stärkerer Annäherung an die Elternrasse mit der stärkeren Kräuselung.

Das Vliesgewicht ist stark vom Körpergewicht des Tieres abhängig. Bei Beobachtung des absoluten Vliesgewichts konnte man in der F_1 -Generation ebenfalls intermediäre Vererbung feststellen. Arbeiten, in denen das Vliesgewicht in Abhängigkeit vom Körpergewicht beurteilt wird, liegen nicht vor.

In der F_2 -Generation und teilweise auch in späteren Generationen fanden fast alle Autoren eine größere Variationsbreite als in der F_1 -Generation. Diese vergrößerte Variabilität führte allgemein zu dem Schluß, daß an der Vererbung dieser Merkmale mehrere Faktoren beteiligt sind (Polymerie). Die in manchen Versuchen aufgetretene Verkleinerung der Variationsbreite läßt sich auf die Wirkung von stattgefundener Selektion zurückführen. Teilweise wurden die Versuchsergebnisse anhand von wirtschaftlich geführten großen Herden gewonnen, wo natürlich immer Selektion stattgefunden hatte.

Doch nicht alle Autoren waren bei allen Merkmalen vom Wirken der Polymerie überzeugt. So kam ADAMETZ (1920) bei der Kreuzung Karakul X Rambouillet zu der Annahme, daß kaum mehr als zwei Faktoren an dem untersuchten Vererbungsgang beteiligt sein dürften. Außer diesen zwei Faktoren nahm er noch einen Verteilungsfaktor an, der die Ungleichheit des Vlieses an verschiedenen Körperstellen bedingte. In seiner F_2 -Generation, die aus zehn Tieren bestand, fand er eine vollkommene Aufspaltung und je einen Repräsentanten beider Elterntypen hinsichtlich Wollfeinheit und makroskopischer Vliesbeschaffenheit.

Auch MÖLLER (1923) ging bei der Vererbung der Wollfeinheit von zwei daran beteiligten Hauptfaktoren und einem Hemmungsfaktor aus. Interessant ist die Tatsache, daß der Autor einen Faktor annahm, der eine gewisse Variabilität und eine Beeinflussung durch physiologische Umstände zuließ.

3. Vererbung der Karakullocke

Das wirtschaftliche Ziel war es, durch den Import von reinrassigen Karakulböcken und deren Kreuzungen mit anderen Schaf-rassen gute Karakulfelle bei den Lämmern zu gewinnen. Da die Karakullocke unvollständig dominant vererbt wird, erhielt man in den folgenden Generationen Karakulfelle. Doch da die Ausbildung dieses Merkmals polymer bedingt war, kam es zur Aufspaltung, so daß viele verschiedene Fellqualitäten auftraten, wobei der Großteil von etwa mittlerer Qualität war. Die Spitzenqualitäten, wie sie bei reinen Karakulzuchten auftraten, wurden nur selten und von wenigen Tieren erreicht. Die Lockenqualität der Lämmer hing auch von der angekreuzten Schafrasse ab. Nach FRÖHLICH (1928) eigneten sich in Deutschland die schlichtwolligen deutschen Landschaften am besten für Karakulkreuzungen (z.B. ostfriesisches Milchschaaf, Rhönschaaf, Leineschaaf). Außerhalb von Deutschland hat sich nach BONIKOWSKY (1933) das Kärntnerschaaf und auch das Somalischaf als gut geeignet erwiesen. Die Kreuzungen mit feinwolligen Rassen wie Merinos gaben dagegen nur unbefriedigende Resultate.

Hinsichtlich der Vererbung der Körperform läßt sich aus dem vorliegenden Material kein einheitliches Ergebnis feststellen, da die Autoren mit den verschiedensten Rassenkreuzungen arbeiteten und die Vererbung der verschiedensten Merkmale untersuchten. Ein Teil der Autoren fand dabei, daß die Vererbung einzelner

Körperteile polymer bedingt sei, da die Variabilität der F_2 -Generation im Gegensatz zur F_1 -Generation vergrößert war (z.B. NICHOLS, 1925, RITZMANN 1923). Andere Autoren wie SPÖTTEL (1932) fanden eine so geringe Variabilität in der F_2 -Generation, daß sie an nur wenige beteiligte Faktoren dachten, und WRIEDT (1926) ging bei der Vererbung der Brustbreite sogar davon aus, daß es sich um ein einfach bedingtes Merkmal handelte. Die Erhöhung des Lebendgewichtes und der Frühreife der F_1 -Tiere gegenüber ihren Eltern, die HAMMOND (1932) feststellte, ließe sich durch Heterosis erklären. SPÖTTEL (1932) stellte fest, daß manche Körpermerkmale scheinbar gekoppelt, andere frei vererbt werden.

- Vererbung der Körpergröße

Bevor näher auf die Arbeiten, die sich mit der Vererbung der "Körpergröße" beschäftigen, eingegangen wird, muß zunächst klargestellt werden, was die einzelnen Autoren unter der Körpergröße verstanden. Bei den kleinen Haustieren und den Labortieren (Kaninchen, Maus, Meerschweinchen usw.) und beim Geflügel wurde meist die Körpergröße durch das Körpergewicht dargestellt. Unter die Arbeiten, die sich mit der Körpergröße befaßten, fallen aber auch solche, die sich mit der Vererbung der Größe einzelner Körperteile oder Indices, die aus dem Größenverhältnis einzelner Körperteile zueinander berechnet wurden, auseinandersetzen. Vor allem bei den Vererbungsstudien an großen Haustieren ging es in erster Linie um solche Körperteildimensionen. Die meisten Arbeiten sind, auch wenn sie alle dasselbe Grundthema "Vererbung der Körpergröße" haben, doch nur bedingt miteinander vergleichbar und ebenso auch die Ergebnisse. So untersuchten die Autoren meist ganz unterschiedliche Merkmale: Das Gewicht der erwachsenen Tiere, das Gewicht beim Eintritt der Geschlechtsreife, die Wüchsigkeit, Maße von verschiedenen Körperteilen usw.

Die wechselnden Umweltbedingungen beeinflussten die Versuche stark, da ja die verschiedenen Generationen nie völlig konstant gehalten werden konnten. Je größer dabei das Generationsintervall war, umso stärker fielen die Umwelteinflüsse ins Gewicht. Zur Auswertung konnten immer nur Tiere auf derselben körperlichen Entwicklungsstufe herangezogen werden. Dies setzt wiederum eine große Anzahl an Versuchstieren voraus. Da die Labortiere und das Geflügel eine relativ hohe Vermehrungsrate besitzen, waren sie für solche Versuche besonders geeignet. Auch die finanziellen Kosten konnten mit diesen Tieren gering gehalten werden. Zudem konnte auf Grund der kurzen Tragzeit eine größere Anzahl von Generationen im Versuchszeitraum gezogen werden. Erschwert wurden die Untersuchungen vor allem beim Geflügel durch die Tatsache, daß die männlichen und weiblichen Tiere unterschiedliche Körpergrößen aufwiesen. Die Ausgangsrassen der Versuche konnten aus wirtschaftlichen Gründen und aus Zeitgründen meist nicht selbst gezogen werden, so daß sie häufig in bezug auf das zu untersuchende Merkmal nicht rein waren, was in späteren Generationen zu Aufspaltungen führen konnte, die für den Untersucher nicht zu erklären waren. Bei den großen Haustieren sind all diese Schwierigkeiten noch viel weniger in den Griff zu bekommen als bei den Labortieren, was auch der Mangel an Arbeiten zu diesem Thema deutlich zeigt.

Bei den unterschiedlichen Arbeiten mit Labortieren kann man zusammenfassend feststellen, daß die F_1 -Tiere in bezug auf das Körpergewicht intermediär zwischen den Elternrassen lagen. Die Variation der Körpergewichte war in der F_2 -Generation stets größer als in der F_1 -Generation. Da bei den ersten Versuchen dieser Art die Individuenzahl in der F_2 -Generation relativ klein war, traten die extremen Gewichte der Ausgangsrassen nicht auf. Aus dieser Tatsache leitete CASTLE (1909) dann die Theorie der konstant-intermediären Vererbung des Körpergewichtes ab. Bei späteren Versuchen fand man jedoch auch Tiere, die den Ausgangsrassen entsprachen, und schloß auf die Beteiligung mehrerer Gene am Zustandekommen des Körpergewichtes.

Beim Geflügel, in erster Linie wurden Hühner verwendet, wurden ähnliche Untersuchungen angestellt wie bei den Labortieren, teilweise sogar von denselben Forschern (z.B. PUNNETT und BAILEY, MAY, CASTLE). Die F_1 -Tiere waren auch hier weitgehend intermediär. Teilweise wurde auch eine Annäherung an den einen oder den anderen Elter festgestellt, was auf das Vorliegen von partieller Dominanz hinweist. Die Variabilität in der F_2 -Generation war stets größer als in der F_1 -Generation. Die Aufspaltung in der F_2 -Generation wurde durch Polymerie erklärt. Über die Anzahl der Faktoren lagen unterschiedliche Meinungen vor. So meinte JULI und QUINN (1931), daß die Anzahl der an der Vererbung des Körpergewichtes beteiligten Gene umso größer sei, je größer der Gewichtsunterschied der gekreuzten Rassen ist. Aus der Gesamtzahl der F_2 -Tiere und den dabei auftretenden Tieren der Ausgangsrassen versuchte man, auf die Anzahl der bei der Vererbung dieses Merkmals beteiligten Faktoren zu schließen. Bei solchen Schätzungen handelte es sich jedoch nur um Wahrscheinlichkeitswerte, die bei der meist zu geringen Anzahl von Individuen von den wirklichen Werten doch stark abweichen können. Zur Bestimmung der Anzahl der Gene, die eine quantitative Eigenschaft bedingen, kann man allgemein sagen, "daß die Verfasser in den Fehler verfallen, die Anzahl der an einer Eigenschaft beteiligten Gene angeben zu wollen. Hier liegt ein grundsätzlicher Fehler vor; denn man kann durch Kreuzungsanalyse immer nur die Zahl der Gene feststellen, durch die sich die gekreuzten Rassen unterscheiden, nie aber die Zahl der Gene, die überhaupt das untersuchte Merkmal in einer Rasse oder Art bestimmen" (LAUTH 1935). PUNNETT und BAILY (1914) waren die einzigen Autoren, bei denen die Aufspaltung in der F_2 -Generation über die Gewichte der Ausgangsrassen hinaus ging. Auf diese Tatsache bauten sie ihre Theorie, daß vier Genpaare an der Vererbung des Körpergewichtes beteiligt sind. Man könnte dieses Übertreffen der Elterntiere aber auch dadurch erklären, daß die Ausgangstiere in bezug auf das Gewicht nicht rein gezüchtet waren. Die ungewöhnlichen Ergebnisse von MAY (1925), der feststellte, daß die Durchschnittsgewichte der F_1 - und F_2 -Generation mit dem der schweren Ausgangsrasse überein-

stimmten und daß die Variation der folgenden Generationen nicht größer war als bei den Elternrassen, läßt sich erklären. MAY wog seine Versuchstiere im Alter von zehn Monaten. Die Hähne der Rasse White Cornish waren aber mit zehn Monaten noch lange nicht ausgewachsen. Berücksichtigt man diesen Fehler, so lagen die F_1 -Tiere intermediär zwischen den Eltern, mit einer leichten Annäherung an die schwere Rasse Cornish. In der F_2 -Generation standen MAY zu wenig Tiere zur Verfügung, um die Variabilität sicher zu beurteilen.

Bei den mittleren (Schaf, Schwein) und großen (Pferd, Rind) Haustieren wurde nicht mehr die Vererbung der Gesamtgröße oder des Körpergewichtes des Tieres untersucht, sondern hier befaßte man sich in erster Linie mit der Vererbung der Größe bestimmter Körperteile. Die Körpergröße bzw. das Körpergewicht wird sehr stark von Umwelteinflüssen modifiziert, und es ist im Gegensatz zu den Labortieren unmöglich, diese auszuschalten. Da man auch nicht wußte, wie und in welchem Maß die einzelnen äußeren Faktoren die Körpergröße beeinflussten, konnte man auch keine Korrektur vornehmen, wie etwa bei der Milchleistung. (Hier gab es ja eine Vielzahl von Untersuchungen, die sich mit dem Einfluß äußerer Faktoren auf die Milchleistung auseinandersetzten). Die Größe von bestimmten Körperteilen konnte ziemlich genau bestimmt werden, und sie war doch weniger durch die Umwelt beeinflusst als die Gesamtkörpergröße.

Die Vererbung der Körpergröße, der Körperform und einzelner Körperteile bei den mittelgroßen Haustieren (Schaf, Schwein) wurde bereits weiter oben besprochen.

Über die großen Haustiere liegen nur wenige Arbeiten vor. ADAMETZ (1924) untersuchte die Vererbung der verschiedensten Körpermerkmale beim Rind in der F_1 -Generation. Dabei fand er, daß manche Merkmale intermediär, andere dominant bzw. rezessiv vererbt wurden. Da er keine F_2 -Generation zur Verfügung hatte, konnte er keine weiteren Aussagen machen.

SPÖTTEL (1932) fand bei Kreuzungen zwischen Haustier- und Wildtierarten folgendes. In bezug auf die Vererbung des Körpergewichtes stellte er fest, daß die F_1 -Bastarde intermediär waren und daß in der F_2 -Generation und bei den Rückkreuzungen relativ klare Aufspaltungsverhältnisse vorlagen. Daraus schloß SPÖTTEL auf das Vorliegen relativ einfacher faktorieller Verhältnisse. Bei der Vererbung der Körperformen und der Körperproportionen zeigten die F_1 -Tiere einen zwischen den Eltern liegenden Mischtyp, wobei einzelne Körperteile intermediär, andere dominant vererbt wurden. In der F_2 -Generation und den Rückkreuzungen lagen wieder relativ einfache Aufspaltungsergebnisse vor.

Diese Arbeit liefert einige interessante Ergebnisse in bezug auf die Frage, ob die einzelnen Körperteile sich selbständig und unabhängig voneinander vererben oder ob es Faktoren gibt, die alle Körperteile gleichermaßen beeinflussen. Daß sich manche Körperteile selbständig und größtenteils unabhängig von anderen vererben, wurde neben SPÖTTEL noch von anderen Autoren festgestellt (z.B. KOPEC 1927, KRONACHER 1924, ADAMETZ 1924, RITZMANN 1923). Diese selbständige Vererbung führte zu dem häufig beobachteten unharmonischen Körperbau der Bastarde, im Vergleich zu ihren Elternrassen. Zwischen manchen Körperteilen besteht Kopplung, d.h. ihre Größe wird in einem bestimmten Verhältnis zueinander vererbt. Das verschiedenartige Verhalten einzelner Merkmale läßt darauf schließen, daß es spezifische, selbständige Erbfaktoren gibt, die die Größe bestimmter Körperteile verschiedenartig und voneinander unabhängig beeinflussen. Auf der anderen Seite gibt es sicher gleichzeitig auch jene, die die Größe des ganzen Körpers beeinflussen. Denn nur so läßt sich die Größendifferenz zwischen größeren und kleineren Rassen erklären.

WRIEDT (1926) fand bei seinem Material einfache Aufspaltungsverhältnisse. Daraus leitet er ab, daß nur wenige Faktoren an der Vererbung der Größe der von ihm untersuchten Körperteile beteiligt sind.

3.3. Diskussion

Heute wird allgemein die Meinung vertreten, daß quantitative Merkmale eine kontinuierliche Variation zeigen. Diese kontinuierliche Variation ist durch die Wirkung einer größeren Anzahl von Genen auf die Ausbildung eines solchen Merkmals bedingt. In der untersuchten Literatur sprechen jedoch manche Autoren von einer Aufspaltung im Mendelschen Sinne, obwohl es sich um typisch quantitative Merkmale handelt. Dabei war in einigen Fällen die Häufigkeitsverteilung der untersuchten Tiere zweigipfelig, in anderen Fällen läßt sich die Andeutung einer Aufspaltung zahlenmäßig nicht darstellen.

Wir wissen aber heute auch, daß das Erbgut hierarchisch geordnet ist, wobei das gesamte Genom wiederum in Subhierarchien gegliedert ist. Jede hierarchische Einheit enthält dabei einen oder wenige ranghöchste Genorte. Es stellt sich die Frage, ob die Autoren zum Teil deshalb von Aufspaltung gesprochen haben, weil der optische Eindruck ihnen diese Vorstellung vermittelte. Die ranghöchsten Gene in der Hierarchie des Genoms müssen auch phänotypisch eine große Ausdruckskraft haben und könnten somit ihr Mendelsches Verhalten innerhalb des Genortes in einer Gruppe sichtbar machen.

Diese Auffassung wird auch gestützt durch die Ansicht, die KRONACHER vertrat, über die Anzahl der an der Vererbung quantitativer Merkmale beteiligter Faktoren. Er sprach dabei von relativ wenigen Hauptfaktoren die das Merkmal in erster Linie bedingen. (Zitat Seite 140 KRONACHER 1933). Diese Hauptfaktoren können ohne weiteres den ranghöchsten Genen in der Hierarchie des Genoms gleichgestellt werden.

Beim Studium der untersuchten Arbeiten fiel auf, daß manche Autoren sich bei der Bearbeitung des ihnen vorliegenden Materials mathematisch-statistischer Methoden bedienten. Diese variationsstatistischen Methoden dienten in erster Linie zur

Vorbereitung des angefallenen Untersuchungsmaterials für die eigentliche Erbanalyse, die dann meist mittels Mendelscher Grundgedanken durchgeführt wurde. Im Laufe der Zeit kann man so ein langsames Einfließen der variationstatistischen Methoden in die Arbeiten feststellen und somit die Anfänge einer mathematisch-statistischen Denkweise. Diese Tatsache trug sicher entscheidend dazu bei, daß die später aufkommende Populationsgenetik relativ schnell angenommen wurde.

In einem Großteil der untersuchten Arbeiten wurde bei den quantitativen Merkmalen intermediäre Vererbung festgestellt. Diese Vorstellung einer intermediären Vererbung quantitativer Merkmale führte wahrscheinlich zwanglos zur Vorstellung einer additiven Vererbung im statistischen Sinne, wodurch die Behandlung der genetischen Probleme relativ einfach wurde.

Später, als man einsehen mußte, daß ein intermediärer Erbgang der einbezogenen Gene nicht generell angenommen werden kann (wie auch die Ergebnisse einiger Arbeiten im Literaturteil deutlich zeigen), bot sich der sogenannte additive Geneffekt an, das ist der statistisch mittlere Wert eines Allels in einer Zuchtgruppe. Dieser mittlere Allelwert ist abhängig von den Dominanzwirkungen innerhalb dieses Genortes, von den epistatischen Wirkungen der Allele anderer Genorte und schließlich von den Frequenzen der sich beeinflussenden Allele. Somit ist diese additive Genwirkung von der tatsächlichen Wirkung der Allele sehr weit weggerückt. Da ein zentraler Bestandteil der Populationsgenetik, nämlich die Heritabilität, auf dieser additiven Genwirkung beruht, sollte man bei der Anwendung der Heritabilitätstests die oben angeführte Tatsache bedenken.

4. Zusammenfassung

In der vorliegenden Arbeit wurden, an Beispielen bedeutender Originalarbeiten, Betrachtungsweisen, Methoden und Interpretationen bei der genetischen Untersuchung quantitativer Merkmale vor Einführung der Populationsgenetik einer Analyse unterzogen. Die untersuchten Arbeiten entstanden etwa im Zeitraum von 1910-1940 und behandeln in erster Linie die wirtschaftlich bedeutenden Haustiere. Sie stellen eine Auswahl dar, indem für die damalige Zeit charakteristische und bedeutende Arbeiten einbezogen wurden.

In vielen Arbeiten wurde eine Faktorenanalyse versucht, und es wurde erstaunlich oft von einer Aufspaltung gesprochen. Die Autoren hatten häufig den Eindruck, daß die Allele der studierten Merkmale sich intermediär verhielten und somit additiv vererbt wurden. Allmählich fand die statistische Bearbeitung des Materials mehr und mehr Anwendung und es war somit insgesamt eine Situation gegeben, aus der sich die heutige Populationsgenetik entwickeln konnte. Ein Kernstück der Populationsgenetik ist der Heritabilitätsbegriff, bei dem die sogenannte additive Genwirkung als Grundlage verwendet wird.

Das Studium dieser Literatur zeigt, daß die Populationsgenetik manches verdrängt hat, das auch heute noch interessant ist zu wissen. Auf Grunde der erweiterten Grundlagenkenntnisse können die Phänomene, welche die damaligen Autoren beobachtet haben, heute besser interpretiert werden.

Summary

Considerations in the genetics of quantitative characters before the introduction of population genetics.

In the present dissertation considerations, methods and interpretations of genetic investigations of quantitative characters before the introduction of population genetics are analysed on the basis of important publications. The examined publications were published in the time from 1910 to 1940 and first of all they deal with the economically important domestic animals.

In many of these investigations the research workers tried to find the number of genetic factors involved and surprisingly often they found a tendency to segregation. In other cases they had the impression that the alleles of the studied characters were intermediate and so interacted additively. Gradually the statistical application of the material became more common and there was a situation in which the today population genetics could be developed. A principal item of population genetics is the term of "Heritability." For this term the so-called "additive gene effect" is used as basis.

The study of the literature shows that the population genetics had pushed aside various observations and ideas, which are still interesting today. Because of the further developed basic sciences those points regarded by the research workers of that time could be discussed much better today.

5. Literaturverzeichnis

- Adametz, L. (1917) Über die Vererbungsweise der Karakullocke bei Kreuzungen von bocharischen Fettschwanzschafen mit Rambouillets. Zeitschr. f. ind. Abst. u. Vererbungslehre 17, 161- 202
- Adametz, L. (1920) Zur Vererbung der Wollcharaktere. Deutsche Landw. Presse 1920, 81ff
- Adametz, L. (1924) Beobachtungen über die Vererbung morphologischer und physiologischer Merkmale und Eigenschaften bei Kreuzungen von rotscheckigen Ostfriesen und Kuhländer Rindern. Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungsbiologie 1, 101-109
- Axelsson, J. (1938) Variation und Erbllichkeit der Form der Hühnereier. Züchtungskunde 13, 414-428
- Baur, E. (1919) Gibt es konstante intermediäre Rassenbastarde in der Schafzucht? Deutsche Landw. Presse 24, 713 ff
- Bonikowsky, H. (1933) Untersuchungen über die Morphologie und Vererbung verschiedener Merkmale beim Karakulschaf. Kühn-Archiv 36
Zit. nach Kliesch, J. (1936)
Über den Stand der Vererbungsforschung beim Schaf.
Züchtungskunde 11, 90
- Castle, W. E. (1909) Studies of inheritance in rabbits. Pub. of the Carnegie Inst. of Wash., 114
Zit. nach Lang, A. (1914).
Die experimentelle Vererbungslehre in der Zoologie seit 1900. I. Hälfte 664-675
G. Fischer, Jena

- Castle, W.E. (1912) In "Lang, A. (1914)
Die experimentelle Vererbungslehre
in der Zoologie seit 1900. 1. Hälfte
S. 672
G. Fischer, Jena
- Castle, W.E. (1919) Inheritance of quantity and quality
of milk production in dairy cattle.
Proc. Nat. Acad. Sci. 5, 428-434
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie 6, 568, 579
- Castle, W.E. (1921a) On a method of estimating the number
of genetic factors concerned in cases
of blending inheritance.
Science, N.S., 54, 93
- Castle, W.E. (1921b) An improved method of estimating the
number of genetic factors concerned
in cases of blending inheritance.
Science, N.S., 55, 223
- Cole, L.J. (1920) Inheritance of milk and meat production
in cattle.
Wisconsin Sta. Bull. 319, 53
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie, 6, 567
- Cole, L.J. (1925a) In "Finlay, Cattle Breeding "
Performance standards and progeny
tests. Kap. 18, 237-253
Oliver and Boyd, Edinburgh 1925
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 572

- Cole, L.J. (1925b) In "Finlay, Cattle Breeding "
The Wisconsin experiment in cross-
breeding cattle. Kap. 26, 317
Oliver and Boyd, Edinburgh 1925
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 567
- Constantinescu, G.K.
(1933) Vererbungsversuche an Schweinen unter
besonderer Berücksichtigung des Manga-
litzaschweines.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungs-
biologie 26, 395-427
- Constantinescu, G.K.
- Mauch, A. Vladescu, D.
- Bradescu, J. (1942) Untersuchungen über die Vererbung der
Feinstruktur der Schweineborste.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungs-
biologie 53, 1-38
- Crew, F.A.E. (1925) Animal Genetics
Oliver and Boyd, Edinburgh-London 1925
- Culbertson, C.C.
- Evvard, J.M. (1926) Studies of swine types.
Amer. Herdsman, Sept. 1, 6
Zit. nach Schmidt, J., Lauprecht, E.,
Winzenburger, W. (1934)
Beiträge zur Vererbung der
Mastleistung des Schweines.
Teil 2
Züchtungskunde 9, 201, 204
- Darlow, A.E. (1925) Inheritance of characters in sheep.
Oklahoma Agric. Exp. Sta. Bull. 153
Zit. nach Landauer, W. (1929)
Die Vererbung von Haut- und
Haarmerkmalen, ausschließlich
Färbung und Zeichnung.
Zeitschr. f. ind. Abst. u.
Vererbungslehre 50, 359, 369, 401

Davenport, C.B.

- Ritzman, E.G. (1926) Some wool characters and their inheritance.
New Hampshire Agric. Exp. Sta. Bull. 153
Zit. nach Landauer, W. (1929)
Die Vererbung von Haar- und
Hautmerkmalen, ausschließlich
Färbung und Zeichnung.
Zeitschr. f. ind. Abst. u.
Vererbungslehre 50, 356, 364,
375, 399

Dechambre, P. (1926) La production entre les porcs et
les sangliers.

Rev. Zootechnie 15, 276

Zit. nach Schmidt, J., Lauprecht, E.,
Winzenburger, W. (1934)
Beiträge zur Vererbung der
Mastleistung des Schweines.
Teil 1
Züchtungskunde 9, 4, 5

Dinkhauser, F. (1940) Untersuchungen über den Erbgang des
Milchfettgehaltes beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzucht u. Züchtungs-
biologie 46, 237-279

Dschaparidse, D.

- (1936) Beitrag zur Vererbung beim Schwein in
der ersten Kreuzung.
Zeitschr. f. Tierzucht u. Züchtungs-
biologie 34, 335-347

Dunn, L.C. (1951) Genetics in the 20th century. S.634
The Macmillan Co. New York

Dunne, J. (1914) Hereditary transmission of fat percen-
percentage.

Hoard's Dairyman 47, 533

Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzucht u.
Züchtungsbiologie 6, 578

- Ellinger, T. (1923) The variation and inheritance of milk characters.
Proc. Nat. Acad. Sci. 9, 111-116
Zit. nach Nachtsheimer (1924) Ref.
Zeitschr. f. Tierzucht u. Züchtungsbiologie 1, 281
- Evvard, J.M. (1926) Those unborn pigs.
Amer. Swineherd 43, 4
Zit. nach Schmidt, J., Lauprecht, E.
Winzenburger, W. (1934)
Beiträge zur Vererbung der Mastleistung des Schweines Teil 2
Züchtungskunde 9, 201
- Fleischmann, W. (1891) Untersuchung der Milch von 16 Kühen des in Ostpreußen reingezüchteten holländischen Schlages während der Dauer einer Laktation.
Landw. Jahrbücher 20, Erg.-Bd. 2
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzucht u. Züchtungsbiologie 6, 573
- Fröhlich, O. (1928) Die Zucht des Karakulschafes am Tierzuchtinstitut der Universität Halle als Versuchs- und Forschungsobjekt.
Kühn-Archiv 18
Zit. nach Kliesch, J. (1936)
Über den Stand der Vererbungs-
forschung beim Schaf.
Züchtungskunde 11, 90
- Gaines, W.L. (1922) The inheritance of fat content of milk in dairy cattle.
Amer. Soc. Animal Prod. Proc. 1922, 29
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzucht u. Züchtungsbiologie 6, 572
- Goldschmidt, R. (1912) Zuchtversuch mit Enten 1.
Zeitschr. f. ind. Abst. u. Vererbungs-
lehre 8/9, 161 ff

- Gowen, J.W. (1918a) Studies in inheritance of certain characters of crosses between dairy and beef breeds of cattle.
Journ. Agric. Research 15, 1-57u.63
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie 6, 550,578
- Gowen, J.W. (1918b) Report of progress on animal husbandry investigations in 1917.
Maine Sta. Bull. 274, 205-228
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 571,550
- Gowen, J.W. (1919) Report of progress on animal husbandry investigations in 1919.
Maine Sta. Bull. 283, 249-284
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 532,550
- Gowen, J.W. (1920a) Inheritance in crosses of dairy and beef breeds of cattle. On the transmission of milk yield to the first generation.
Journ. Hered. 11, 300-316
- Gowen, J.W. (1920b) Inheritance in crosses of dairy and beef breeds of cattle. Transmission of butter-fat percentage to the first generation.
Journ. Hered. 11, 365-376

- Gowen, J.W. (1921) Report of progress on animal husbandry investigations in 1920.
Maine Sta. Bull. 299, 85-120
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 532
- Gowen, J.W. (1922) The inheritance of milk yield and some of its practical applications.
Record of Proc. Amer. Soc. Animal Production.
Annual Meeting 1922, 102-104
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 535, 578
- Gowen, J.W. (1924a) Interpretation of dairy pedigrees
Annual Rept. Maine Sta. 1924, 53-80
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 535
- Gowen, J.W. (1924b) The inheritance of milk production and butter-fat percentage
Washington Government Printing Office.
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 535
- Graves, R.R. (1925) In "Finlay, Cattle Breeding"
Dairy cattle breeding investigations of the U.S. Department of Agriculture
Kap. 24, 299-305
Oliver and Boyd, Edinburgh 1925
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 551

- Habu, Y. (1932) Inheritance of face shape in swine.
Ref. in Zeitschr. f. Tierzüchtung und
Züchtungsbiologie 23, 477
- Hammond, J. (1932) Growth and development of mutton
qualities in the sheep.
Biol. Monographs and Manuals Nr. 10
Oliver and Boyd. Edinburgh-London 1932.
Zit. nach Kronacher, C. (1934)
Genetik u. Tierzüchtung S. 64
Gebrüder Bornträger, 1934.
- Hansen, J. (1917a) Ziele und Grenzen der Kontrollvereine
unter Berücksichtigung der Vererbung
der Milchergiebigkeit.
Arb. Dtsch. Ges. f. Züchtungskunde,
Heft 23.
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 533
- Hansen, J. (1917b) Der Einfluß der Kontrollvereine auf
die Zucht und die Vererbung der Milch-
ergiebigkeit.
40. Flugschr. d. Dtsch. Ges. f. Züch-
tungskunde.
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 533
- Hansen, J. (1919) In Pusch-Hansen, Lehrbuch der allge-
meinen Tierzucht.
Ferdinand Emke, Stuttgart 1922.

- Hansson, N. (1913) Kann man mit ökonomischem Vorteil den mittleren Fettgehalt der Milch erhöhen?
II. Der Einfluß der Zuchtarbeit auf den mittleren Fettgehalt der Milch.
Frühlings Landw. Zeitung 62. Jahrg. 758-772
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 577
- Högström, K.A. (1906) Über die Vererblichkeit des MilCHFettgehaltes.
Kungl. Landtbruks-Akademiens Handlingar och Tidskrift, Nr. 3 u. 4.
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 576
- Hundsödörfer, R. (1933) Untersuchungen über Milch- und Milchfettvererbung an einer schwedischen Fjällviehherde.
Zeitschr. f. Tierzüchtung und Züchtungsbiologie 26, 323-365.
- Hunt, R.E. (1921) Selecting Holstein-Friesian sires for high yearly production. A detailed study of the records of 1478 registered animals proving the value of certain blood lines in transmitting high production.
Journ. Hered. 12, 8, 368-384.
- Johannsen, W. (1909) Elemente der exakten Erblchkeitslehre
3. Auflage
G. Fischer, Jena (1926)
- Johansson, J. (1966) Haustiergenetik und Tierzüchtung S. 11
Rendel, J. Paul Parey, Hamburg/Berlin.
Gravert, H.O.

- Johansson, J. (1980) Meilensteine der Genetik, S. 42, 47, 185
Paul Parey, Hamburg/Berlin.
- Jull, M.A. (1931) The inheritance of body weight in
Quinn, J.P. domestic fowl.
Journ. Hered. 22, 283-294
- Kildee, H. (1916) Influence of environment and breeding
M'Candlish, A. in increasing dairy production.
Jowa Sta. Bull. 165, 383-402
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 550
- Kirsch, W. (1929) Über einige Bastarde aus Kreuzungen
von Original-Skudden (mischwollige ost-
pr. Landschaften) mit Merino-Fleischschaf-
fen und württembergischen Landschaften.
Zeitschr. f. Tierzüchtung und Züchtungs-
biologie 15, 345-358.
- Köppe, A. (1921) Inzucht und Individualpotenz in der
Schwarzbunten Rinderzucht.
56. Flugschrift d. Dtsch. Ges. f.
Züchtungskunde.
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 549.
- Kopec, S. (1924) Studies on the inheritance of the
weight of new-born rabbits.
Journ. of Genetics 14, 240-263
- Kopec, S. (1927) Zur Kenntnis der Vererbung der Körper-
dimensionen und der Körperform beim
Haushuhn.
Zeitschr. f. ind. Abst. u. Vererbungs-
lehre 45, 87-104

- Kronacher, C. (1924a) Allgemeine Tierzucht, II. Abt., Kap.3, Vererbung.
2. Aufl.
Paul Parey, Berlin 1922.
- Kronacher, C. (1924b) Vererbungsversuche und -beobachtungen an Schweinen.
Zeitschr. f. ind. Abst. u. Vererbungslehre 34, 1-120
- Kronacher, C. (1930) Weitere Vererbungsbeobachtungen und -versuche an Schweinen.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungsbiologie 18, 315-365
- Kronacher, C. (1934) Genetik und Tierzucht
Paul Parey, Berlin 1934
- Kronacher, C. (1932) Vererbungsversuche und -beobachtungen an Schweinen.
Ogrizek, A.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungsbiologie 25, 3 ff.
- Kronacher, C. (1925) Die Wollfeinheitsbestimmung am Querschnitt im Projektionsbild.
Saxinger, G.
Schäper, W.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungsbiologie 4, 213-252
- Kronacher, C. (1926) Spaltend oder intermediär?
Schäper, W.
Beitrag zum Entscheid über die Vererbungsform des Charakters "Wollfeinheit."
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungsbiologie 6, 59-80
- Kuhlmann, A.H. (1915) Jersey-Angus-cattle
Journ. Hered. 6, 68-72
- Landmann, A. (1914) Die Zucht eines schweren Arbeitspferdes in der Provinz Ostpreußen
In Kühn-Archiv 4, 137-293

- Lauth, H. (1935) Vererbung von Körper- und Eigewicht bei Haushuhnrasen. Ein Beitrag zur Genetik quantitativer Eigenschaften. Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungsbiologie 31, 271-310
- Leberl, E. (1931) Untersuchungen über die Vererbung der Milch- und Fettmenge in der Leistungsherde des Herrn von Lochow in Ziekau. Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungsbiologie 21, 11-48
- Lochow, F. von (1921) Beiträge über Leistungsprüfung und Zucht auf Leistung beim Milchvieh, sowie Vererbung der Leistung durch Mutter- und Vatertier, nachgewiesen durch Auszüge aus dem Zuchtregister des eigenen Betriebes.
Arb. d. Deutsch. Landw. Gesellsch.,
Heft 309
- Lotsy, J.P. (1921) Die Aufarbeitung des Kühnschen Kreuzungsmaterials.
Genetica 1921
- Lush, J.L. (1921) Inheritance in swine.
Journ. Hered. 12, 57-71
- Macalik, B. (1924) Studien über die Wolle und die Pelze der slowakischen Schafe.
Publ. Min. Landw. Prag 1924
Zit. nach Kliesch, J. (1936)
Über den Stand der Vererbungs-
forschung beim Schaf.
Züchtungskunde, 11, 89

- Malin, D.F. (1923) The evolution of breeds; an analytical study of breed building as illustrated in Shorthorn, Hereford and Aberdeen-Angus cattle, Poland China and Duroc-Jersey swine.
Ref. M'Pee, Botan. Abstr. 12, Nr. 4273...
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie 6, 541
- Marshall, F.R. (1914) Holstein milk yield.
Journ. Hered. 5, 437-439
- May, H.G. (1925) The inheritance of body-weight in poultry.
I. In the Cornish-Hamburgh cross.
Agr. Exp. Sta. Rhode Island State College
Bull. 200
Zit. nach Hutt, F.B. (1949)
Genetic of the Fowl. S. 256
Mc Graw Hill, New York, Toronto,
London
- M'Candlish, A. (1919) Environment and breeding as factors in influencing milk production.
Journ. Hered. 11, 204-214
- M'Candlish, A. (1925) In "Finlay, Cattle Breeding"
Building up a dairy herd from scrubs.
Kap. 25, 306-316
Oliver and Boyd, Edinburgh 1925
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie 6, 550

Mc Dowell, E.C.

- (1914) Size inheritance in rabbits.
Carnegie Institution of Washington, 196
Zit. nach Kronacher, C. (1934)
Genetik u. Tierzucht S. 89
Verlag Gebrüder Bornträger
Berlin, 1934

Mendel, G.J.

- (1865) Versuche über Pflanzenhybride.
Verhandlungen Naturforscher-Verein in
Brünn

Middeldorf, P.

- (1928) Untersuchungen über die Wollzusammen-
setzung und das Verhalten der Karakull-
locke bei der Karakul-ostfriesischen
Milchschafkreuzung.
Diss. Halle 1924
Zit. nach Landauer, W. (1929)
Die Vererbung von Haar- und
Hautmerkmalen, ausschließlich
Färbung und Zeichnung.
Zeitschr. f. ind. Abst. u.
Vererbungslehre, 50, 376

Möller, H.

- (1923) Untersuchungen über die Vererbung der
Haarstärke bei Fettsteiß-Landschafkreuz-
ungen.
Diss. Halle 1923
Zit. nach Landauer, W. (1929)
Die Vererbung von Haar- und
Hautmerkmalen, ausschließlich
Färbung und Zeichnung.
Zeitschr. f. ind. Abst. u.
Vererbungslehre, 50, 365

Morgan, F.

- (1911) In "Lang, A. (1914)
Die experimentelle Vererbungslehre
in der Zoologie seit 1900. 1. Hälfte
S. 582
G. Fischer, Jena, 1914."

Nathusius von, S.

- (1908) Aufgabe, Durchführung und bisheriges
Ergebnis von Messungen am lebenden
Pferd.
6. Flugschr. d. Dtsch. Ges. für Züch-
tungskunde 1908

Nichols, J.E. (1925) Segregation in Halfbred Sheep.
Journ. Hered. 16, 401-407

Ogrizek, A. (1927) Feinheit, Tragkraft und Dehnbarkeit
des Wollhaares in der F_1 -Generation.
Zeitschr. f. Tierzüchtung und Züchtungs-
biologie 8, 285-304

Parlour, W. (1913) Jersey-Angus-cattle. Mendelisme illustra-
ted.
Live Stock Journ. 77, 2025, 85
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 567, 577

Patow von, C. (1925) Studien über die Vererbung der Milch-
ergiebigkeit an Hand von fünfzigjährigen
Probemelkaufzeichnungen.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungs-
biologie 4, 253-329

Patow von, C. (1929) Der heutige Stand der Frage der Milch-
vererbung beim Rind.
Züchtungskunde 4, 13

Patow von, C. (1930) Weitere Studien über die Vererbung der
Milchleistung beim Rinde.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungs-
biologie 17, 1-159

- Pearl, R. (1910) Breeding for production in dairy cattle in the light of recent advances in the study of inheritance.
8 th Annual Rept. Comm. Agric. State Maine, 118-129
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 530
- Pearl, R. (1917) Report of progress on animal husbandry investigations in 1916.
Annual Rept. Maine Sta. 1917. Bull. 261, 121-144
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 549
- Pearl, R. (1920) A contribution of genetics to the practical breeding of dairy cattle.
Proc. Nat. Acad. Sci 6, 225-233
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 571
- Pearl, R. (1919) Studies in milk secretion. VII. Transmitting qualities of Jersey sires for milk yield, butter-fat percentage and butter fat.
Gowen, J.W.
Miner, J.R.
Annual Rept. Maine Sta. Bull. 281, 89-204
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 531
- Pearson, K. (1910) Note on the separate inheritance of quantity and quality in cow's milk.
Biometrika 7, 548-550

- Pease, M.S. (1928) Experiments on the inheritance of weight in rabbits.
Journ. of Genetics 20, 261-275
- Peters, J. (1913) Die Vererbung der Milchergiebigkeit und die Verwertung der Kontrollvereinsresultate.
Dtsch. Landw. Tierzucht, 17. Jahrg.
Nr. 11, 121-125, Nr. 12, 133-135,
Nr. 13, 145-149
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 538
- Peters, J. (1924) Neue Untersuchungen über die Vererbung der Milchleistungen.
Mitteil. d. D.L.G. 19, 243-252
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung
u. Züchtungsbiologie 6, 573, 580
- Phillips, J.C. (1912) Size inheritance in ducks.
Journ. of exp. Zool. 12
Zit. nach Punnett, R.C., Bailey, P.G.
(1914)
On inheritance of weight in poultry.
Journ. of Genetics 4, 23, 24
- Punnett, R.C. (1914) On inheritance of weight in poultry.
Bailey, P.G. Journ. of Genetics 4, 23-39
- Punnett, R.C. (1918) Genetic studies in rabbits. I. On the inheritance of weight.
Bailey, P.G. Journ. of Genetics 8, 1-25
- Richardsen, A. (1910) Die schwedische Rinderzucht.
Paul Parey, Berlin 1910

- Rietz, H.L. (1909) On inheritance in the production of butter fat.
Biometrika 7, 106-126
- Rinecker, A. (1922) Wert der Blutlinien für die Leistungsfähigkeit in bezug auf Milch- und Fettvererbung.
59. Flugschr. d. Dtsch. Ges. f. Züchtungskunde
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzucht u. Züchtungsbiologie 6, 541, 549, 572
- Ritzmann, E.G. (1923) Inheritance of size and conformation in sheep.
New Hampshire Coll. Agricult. Exp. Sta. 25
Zit. nach Kliesch, J. (1936)
Über den Stand der Vererbungs-
forschung beim Schaf.
Züchtungskunde, 11, 96
- Roberts, E. (1918) Correlation between the percentage of fat in cow's milk and the yield.
Journ. Agric. Research 14, 67-96
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzucht u. Züchtungsbiologie 6, 571
- Roths, G. (1914) Vererbungsstudien an den Rindern des Jeverländer Schlages mit besonderer Berücksichtigung der genealogischen Entwicklung und der Vererbungsfähigkeit der wichtigsten Zuchtfaktoren unter Anwendung der Konfluenzmethode.
Arb. d. Dtsch. Ges. f. Züchtungskunde, Heft 20
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzucht u. Züchtungsbiologie 6, 540

- Schmidt, J. (1936) Untersuchung über die Vererbung der Trächtigkeitsdauer, des Geburtsgewichtes und der Zitzenanzahl beim Schwein.
Lauprecht, E.
Staubesand, H.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u. Züchtungsbiologie 36, 55-100
- Schmidt, J. (1934a) Beiträge zur Vererbung der Mastleistung des Schweines. I. Das Verhalten der Körperform in der 1. Kreuzungsgeneration.
Lauprecht, E.
Winzenburger, W.
Züchtungskunde 9, 4-23
- Schmidt, J. (1934b) Beiträge zur Vererbung der Mastleistung des Schweines. II. Nährstoffausnutzung Mastdauer in der ersten Kreuzungsgeneration.
Lauprecht, E.
Winzenburger, W.
Züchtungskunde 9, 201-206
- Schmidt, J. (1934c) Beiträge zur Vererbung der Mastleistung des Schweines. III. Ergebnisse der Auschlachtung in der ersten Kreuzungsgeneration.
Lauprecht, E.
Winzenburger W.
Züchtungskunde 9, 287-300
- Scholz, W. (1927) Vererbungsstudien in einer Kreuzungsherde: Merinofleischschafe X Württemberger.
Diss. Breslau 1927
Zit. nach Landauer, W. (1929)
Die Vererbung von Haar- und Hautmerkmalen, ausschließlich Färbung und Zeichnung.
Zeitschr. f. ind. Abst. u. Vererbungslehre, 50, 358, 367
- Schrewe, (1909) Über Leistungszucht.
Jahrbuch d. D.L.G. 24, 211-239
- Shull, G.H. (1921) Estimating the number of genetic factors concerned in blending inheritance.
Science, N.S., 55, 556

- Simpson, Q.J. (1912) Fecundity in swine.
Amer. Breeders Ass. Annual Rept. 1912
- Simpson, Q.J. (1909) Inheritance of face-shape in swine.
Simpson, J.P. Amer. Breed. Assoc. 5, 250
Zit. nach Schmidt, J., Lauprecht, E.,
Winzenburger, W. (1934)
Beiträge zur Vererbung der
Mastleistung des Schweines.
I. Das Verhalten der Körper-
form in der 1. Kreuzungsge-
neration.
Züchtungskunde 9, 4
- Speir, (1904- Milk records.
1910) Transact. Highld. Agric. Soc. Scotld.
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie 6, 530
- Spöttel, W. (1932) Ein Beitrag zur Vererbung der Körper-
formen und des Skelettes.
Züchtungskunde 7, 296-308
- Spöttel, W. (1922) Über die Eigenschaften und Vererbung
Fänzer, E. der Wolle bei Leicester- und Merino-
kreuzungen.
Deutsche Landw. Tierzucht 49, 518 ff
- Stevens, H.D.E. (1913) Jersey-Angus-cattle.
Live Stock Journ. 77, 2025, 132
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie 6, 567, 578
- Sturtevant, A.H.
(1965) A history of genetics, S. 31
Harper & Row, New York

- Teodoreanu, N. (1929) Vererbungsbeobachtungen bei Schweinen.
Bull. Sect. sci. Acad. roum. 12,
Nr. 7/10, 26
Zit. nach Schmidt, J., Lauprecht, E.,
Winzenburger, W. (1934)
Beiträge zur Vererbung der
Mastleistung des Schweines.
I. Das Verhalten der Körper-
form in der 1. Kreuzungsge-
neration.
Züchtungskunde 9, 4, 5
- Teodoreanu, N. (1932) Weitere Vererbungsbeobachtungen am
Schwein.
Bull. Sect. sci. Acad. roum. 15, 165
Zit. nach Schmidt, J., Lauprecht, E.,
Winzenburger, W. (1934)
Beiträge zur Vererbung der
Mastleistung des Schweines.
I. Das Verhalten der Körper-
form in der 1. Kreuzungsge-
neration.
Züchtungskunde 9, 4, 5
- Terho, T. (1924) Zur Vererbung einiger Wollcharaktere
beim Mele-Schaf.
Zeitschr. f. ind. Abst. u. Vererbungs-
lehre 32, 37-60
- Ulmansky, S. (1926) Über Verbesserung und Vererbung der
Wollfeinheit in den Cigayaherden der
Herrschaft Ruma.
Fortschritte der Landwirtschaft 1926.
Zit. nach Landauer, W. (1929)
Die Vererbung von Haar- und
Hautmerkmalen, ausschließlich
Färbung und Zeichnung.
Zeitschr. f. Ind. Abst. u.
Vererbungslehre, 50, 369

- Vigor, H.D. (1913) The correlation between the percentage of milk fat and the quantity of milk produced by Ayrshire cows.
Journ. Board of Agric. Suppl. 11, 5-28
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie 6, 571
- Waters, N.A. (1931) Die Vererbung des Körpergewichtes beim Huhn.
Proc. Nat. Acad. Sci. U.S.A. 17
Zit. nach Hutt, F.B. (1949)
Genetic of the Fowl S. 257
Mc Graw Hill, New York, Toronto,
London
- Wentworth, E.N. (1915) Prepotency.
Journ. Hered. 6, 17-20
- Wilson, J. (1910) The seperate inheritance of quantity and quality in cow's milk.
Scient. Proc. Roy. Dublin Soc. 12,
470-479
Zit. nach Patow von, C. (1926)
Milchvererbung beim Rind.
Zeitschr. f. Tierzüchtung u.
Züchtungsbiologie 6, 570
- Wilson, J. (1911) The inheritance of milk yield in cattle.
Sci. Proc. Roy. Dublin Soc. Bd. 13,
89-113
Zit. nach Lang, A. (1914)
Die experimentelle Vererbungs-
lehre in der Zoologie seit 1900.
1. Hälfte 860-864
G. Fischer, Jena

Mein besonderer Dank gilt Herrn Prof.Dr.Dr. F. Bakels
für die Überlassung des Themas, sowie für das meiner
Arbeit jederzeit entgegengebrachte Interesse.

Meiner Mutter und Monika Scholler danke ich für die
Ausführung der Reinschrift.

Lebenslauf

Am 3. Juli 1958 wurde ich als Sohn von Heinrich Glas und seiner Ehefrau Irmtrud, geb. Bosch in Bamberg geboren.

Von 1964-1968 besuchte ich die Volksschule in Bamberg, trat danach in das Dientzenhofer Gymnasium Bamberg ein, wo ich 1977 das Abitur ablegte.

Von 1977-1978 leistete ich meinen Grundwehrdienst in Mittenwald ab.

Nach zwei Semestern Studium der Forstwissenschaft begann ich im Wintersemester 80/81 mit dem Studium der Tiermedizin an der Tierärztlichen Fakultät in München, legte im Oktober 1985 das Staatsexamen ab und erhielt im März 1986 meine Bestallung als Tierarzt.

